

日本国特許庁  
PATENT OFFICE  
JAPANESE GOVERNMENT

PCT/JP 99/03989

10.08.99

EJH U

REC'D 22 OCT 1999

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日  
Date of Application:

1998年 8月 7日

出願番号  
Application Number:

平成10年特許願第224105号

出願人  
Applicant(s):

財団法人相模中央化学研究所  
株式会社プロテジーン

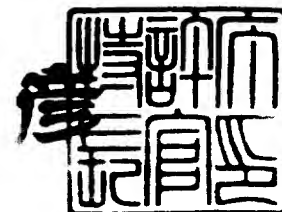
PRIORITY  
DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年10月 8日

特許庁長官  
Commissioner  
Patent Office

近藤 隆彦



出証番号 出証特平 11-3059809

【書類名】 特許願

【整理番号】 S018162

【提出日】 平成10年 8月 7日

【あて先】 特許庁長官殿

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質ならびにそれをコードするDNA

【請求項の数】 6

【発明者】

    【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松 3-4 6-50

    【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

    【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂 5-1 3-11

    【氏名】 山口 知子

【特許出願人】

    【代表出願人】

    【識別番号】 000173762

    【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼 4 丁目 4 番 1 号

    【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

    【代表者】 近藤 聖

    【電話番号】 0427(42)4791

【特許出願人】

    【識別番号】 596134998

    【住所又は居所】 東京都目黒区中町 2 丁目 20 番 3 号

    【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

    【代表者】 棚井 丈雄

    【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

    【予納台帳番号】 011501

    【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】	明細書	1
【物件名】	図面	1
【物件名】	要約書	1
【プルーフの要否】	要	

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質ならびにそれをコードする DNA

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項 2】 請求項 1 記載の蛋白質のいずれかをコードする DNA。

【請求項 3】 配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA。

【請求項 4】 配列番号 21 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項 3 記載の cDNA。

【請求項 5】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項 6】 請求項 2 から請求項 4 のいずれかに記載の DNA を発現し、請求項 1 記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒト cDNA は、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、この cDNA がコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来の技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

#### 【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

#### 【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメイ

ンを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長 cDNA の全塩基配列を決定してやり、その cDNA がコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、その cDNA は分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長 cDNA バンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードする cDNA をクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA、並びにこの DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこの DNA を発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードする DNA を用いて組換え DNA 技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換え DNA 技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明の cDNA を有するベクターからインビトロ転写によって RNA を調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベ

クターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

## 【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ臍臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

## 【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、この

cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リボソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

## 【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせる行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

## 【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞



で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

#### 【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

#### 【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)<sup>+</sup>RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)]、Gubler-Hoffman法[Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

#### 【0016】

本発明のcDNA断片は、ヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化されたものである。それぞれのクローン番号(HP番号)、cDNAクロー

ンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0017】

【表1】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP01426	胃癌	1065	313
2、12、22	HP02515	Saoss-2	937	229
3、13、23	HP02575	Saoss-2	1678	467
4、14、24	HP10357	胃癌	467	99
5、15、25	HP10447	肝臓	875	189
6、16、26	HP10477	肝臓	1256	363
7、17、27	HP10513	胃癌	884	249
8、18、28	HP10540	Saoss-2	589	98
9、19、29	HP10557	胃癌	673	172
10、20、30	HP10563	Saoss-2	1425	120

【0018】

なお、配列番号11から配列番号30のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号11から配列番号30において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇には

いる。

#### 【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号9で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

#### 【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

#### 【0022】

##### 【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用了。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

#### 【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリー(WO97/33993)、手術によって摘出された胃癌組織cDNAライブ

cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長cDNAクロー

ンからなるホモ・プロテインcDNAバンクを構築した。ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された完全長cDNAクローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法[Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157:105-132 (1982)]により、疎水性／親水性プロファイルを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

## 【0024】

## (2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T<sub>N</sub>Tウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [<sup>35</sup>S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2 μgを、T<sub>N</sub>Tウサギ網状赤血球溶解物12.5 μl、緩衝液（キットに付属）0.5 μl、アミノ酸混合液（Metを含まない）2 μl、 [<sup>35</sup>S] メチオニン（アマーシャム社）2 μl（0.37 MBq/μl）、T7 RNAポリメラーゼ0.5 μl、RNasin 20 Uを含む総量25 μlの反応液中で30℃で90分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ膵臓ミクロソーム画分（プロメガ）2.5 μlを添加して行なった。反応液3 μlにSDSサンプリングバッファー（125 mMトリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM2-メルカプトエタノール、2% SDS溶液、0.025% ブロモフェノールブルー、20% グリセロール）2 μlを加え、95℃3分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

## 【0025】

## (3) COS7による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を100 μg/mlアンピシリン含有2xYT培地2 ml中で37℃2時間培養した後、ヘルパーファージM13KO7（50 μl）を添加し、37℃で一晩培養した。遠心によって分離した

上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを100  $\mu$ lの1 mMトリス-0.1 mM EDTA、pH 8 (TE) に懸濁した。

#### 【0026】

サル腎臓由来培養細胞COS7は、10%ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5%CO<sub>2</sub>存在下、37℃で培養した。1  $\times$  10<sup>5</sup>個のCOS7細胞を6穴プレート (ヌンク社、穴の直径3 cm) に植え、5%CO<sub>2</sub>存在下、37℃で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに50 mMトリス塩酸 (pH 7.5) を含むDMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液1  $\mu$ l、DMEM 培地0.6 ml、TRANSFECTAM<sup>TM</sup> (IBF社) 3  $\mu$ lを懸濁したものを添加し、5%CO<sub>2</sub>存在下、37℃で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEMで細胞表面を洗浄し、10%ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2 ml加え、5%CO<sub>2</sub>存在下、37℃にて2日間培養した。培地を [<sup>35</sup>S] システインあるいは [<sup>35</sup>S] メチオニンを含む培地に交換した後、1時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地画分と細胞膜画分の蛋白質をSDS-PAGEにかけた。

#### 【0027】

#### (4) クローン例

#### <HP01426> (配列番号1、11、21)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP01426のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、1 bpの5' 非翻訳領域、942 bpのORF、122 bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは313アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図1にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想

の産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレ

ーションが起こる可能性がある部位が 1 箇所 (163 番目 A s n - S e r - S e r) 存在する。分泌シグナル配列切断部位予測法である (-3、-1) 規則を適用すると、成熟蛋白質は 17 番目のトリプトファンから始まると予想される。

【 0 0 2 8 】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、アフリカツメガエル皮質顆粒レクチン（EMBLアクセシオン番号X82626）と類似性を有していた。表2に、本発明のヒト蛋白質（HP）とアフリカツメガエル皮質顆粒レクチン（XL）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端領域を除いて、67.9%の相同性を有していた。

【 0 0 2 9 】

## 【表 2】

表 2

HP MNQLSFLFLIATTRGWSTDEANTYFKEWTCSSSPSLPRSCKEIKDECPSAFDGLYFLRT

\* \*\* \* \*\*\*\*\* . \* \*\*. \* \*

XL MLVHILLLLVTGGLSQSCEPVVIVASKNMVKQLDCDKFRSCKEIKDSNEEAQDGIYTLTS

HP ENGVIYQTFCDMTSGGGGWTLVASVHENDMRGKCTVGDRWSSQQGSKADYPEGDGNWANY

..\* . \*\*\*\*\* . \*\*\*\*\* . \* \*\*\*\*\* . \*\*\*\*\* . \*\*\*\*\*

XL SDGISYQTFCDMTTNGGGWTLVASVHENNMAGKCTIGDRWSSQQGNRADYPEGDGNWANY

HP NTFGSAEAATSDDYKNPGYYDIQAKDLGIWHVPNKSPMQHWRNSSLLRYRTDTGFLQTLG

\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*.\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*.\*.

XL NTFGSAGGATSDDYKNPGYYDIEAYNLGVWHVPNKTPLSVWRNSSLQRYRTTDGILFKHG

HP HNLFGIYQKYPVKYGEKGCWTDNGPVI PVVYDFGDAQKTASYSPYGGQREFTAGFVQFRV

\*\*\*. .\*. \*\*\*\*\* \*.\* .\*.\*\*..\*\*\*\*\*\*.\*.\*. \*\*\*\*\*.\*\*\*. .\*.\*\*..\*\*\*

XL GNLFSLYRIYPVKYIGSCSKDSGPTVPVVYDLGSAKLTASFYSPDFRSQFTPGYIQFRP

HP FNNERAANALCAGMRVTGCNTEHHCIGGGGYFPEASPOCGDFSGFDWSGYGTHVGYSSS

. \* . \* . \*\* \*\*\* . \*\* . . . . \*\* . \*\* \*\*\*\*\* . \* . \*\*\*\*\* . . . \* . . . \*\*\*\*\* . \*

XL INTEKAALALCPGMKMESECNVEHVCIGGGGYFPEADPRQCGDFAAYDFNGYGTKKFNSAG

HP REITEAAVLLFYR

\*\*\*\*\*

XL IEITEAAVLLFYL

【0030】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 R06009）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0031】

<HP02515>（配列番号 2、12、22）

ヒト骨肉腫細胞株 Saos-2 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP02515 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、176bp の 5' 非翻訳領域、690bp の ORF、71bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 229 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N 末端に推定分泌シグナルが、また C 末端に 1 箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図 2 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 26,000 とほぼ同じ 27kDa の翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌シグナルが切断された考えられる 25.5kDa の産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は 28 番目のフェニルアラニンから始まると予想される。

【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト T1/ST2 レセプター結合蛋白質（GenBank アクセシオン番号 U4

ギャップを、\* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と

類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、55.8%の相同性を有していた。

【 0 0 3 3 】

【表 3】

表 3

HP MGDKIWLFPVLLLAALPPVLLPGAAGFTPSLDSDFTFLLPAGQKECFYQPMPLKASLE

\* . . . . \*\* . \*\*\* . \* . \*\* . \* \* . . \*\*\* \*\*\*\* . \* . \*\*\*\* . \* . \*\*\*\*

T1 MMAAGAALALALWLL--MPPVEV-GGAGPPPIQDGEFTFLLPAGRKQCFYQSAPANASLE

HP IEYQVLDGAGLDIDFHLASPEGKTLVFEQRKSDGVHTVE-TEVGDMFCFDNTFSTISEK

\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\* \*.\*.\* \*

T1 TEYQVIGGAGLDVDFTLESPOGVLLVSESRKADGVHTVEPTEAGDYKLCFDNSFSTISEK

HP VIFFELILDNMGEQAEQEDWKKYITGTDILDMKLEDILESINSIKSRLSKSGHIQILLR

\*\*\*\*\* \* . . . \* \* \* . . . \*\* \* \*\*\* \*\*\* . . . \*\* . \* . . . \*\*\*

T1 LVFFELIFDSL-QDDEEVEGWAEAVEPEEMLDVKMEDIKESIETMRTRLERSIQMLTLLR

HP AFEARDRNIQESNFDRVNFWSMVNLVVMVVVSAIQVYMLKSLFEDKRKRSRT

\*\*\*\*\*. \*\*.\*. \*\*\*\*\* \*\*.\*.\*.\*. \*\*.\*.\*.\*\*\*.\*

T1 AFEARDRNLOEGLERNVFNWSAVNVAVLLLVAVLQVCTLKRFFQDKRPVPT

【0034】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA381943）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【 0 0 3 5 】

<HP02575> (配列番号3、13、23)

ヒト骨肉腫細胞株 S a o s - 2 c D N A ライブラリーから得られたクローン H P O 2 5 7 5 の c D N A インサートの全塩基配列を決定したところ、55 b p の 5' 非翻訳領域、1404 b p の O R F、219 b p の 3' 非翻訳領域からなる



構造を有していた。ORFは467アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量54,065とほぼ同じ52kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌後糖鎖が付加されたと考えられる57kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が3箇所(171番目Asn-Arg-Thr、239番目Asn-Ser-Thr、377番目Asn-Asp-Thr)存在する。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3, -1)規則を適用すると、成熟蛋白質は29番目のヒスチジンから始まると予想される。

【0036】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト $\alpha$ -L-フコシダーゼ(SWISS-PROTアクセション番号P04066)と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒト $\alpha$ -L-フコシダーゼ(FC)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、54.8%の相同性を有していた。

【0037】

【表4】

表4

---

HP	MRPQELPRLAFPLLLLLLLLLPPPPC-PAHSATRFDPWTWESLDARQLPAWFDQAKFGIFI
	.*****.* . . . * . . . * . . . * . . . * . . . *
FC	MRSRPAGPALLLLLLFLGAAESVRRAPPRRYTPDWPSLDSRPLPAWFDEAKFGVFI
HP	HWGVFSVPSFGSEFWWWYQKEKIPKYVEFMKDNYPSPFKYEDFGPLFTAKFFNANQWAD
	HWGVFSVPAWADIWWWWYQKEKIPKYVEFMKDNYPSPFKYEDFGPLFTAKFFNANQWAD
HP	IFQASGAKYIVLTSKHHEGFTLWGSEYSWNWNAIDEGPKRDIVKELEVAIRNRTDLRFGL

```

.***.***.***.***.*** * * *.***. * *.***.***.***.***.***.***
FC LFQAAGAKYVVLTTKHEGFTNWSPVSWNWSKDVGPHRDLVGELGTALRKR-NIRYGL
HP YYSLEWFHPLFLEDESSSFHKRQFPVSKTLPELYELVNNYQPEVLWSDGDGGAPDQYWN

*.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***
FC YHSLEWFHPLYLLDKKNGFKTQHFVSAKTMPELYDLVNSYKPDLIWSDGEWECPTYWN
HP STGFLAWLYNESPVRGTVVTNDRWGAGSICKHGGFYTCSDRYNPGHLLPHKWENCMTIDK

*.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***
FC STNFLSWLYNDSPVKDEVVVNDRWGQNCCHHGGYYNCEDKFKPQSLPDHKWEMCTSIDK
HP LSWGYRREAGISDYLTIEELVKQLVETVSCGGNLLMNIGPTLDGTISVVFEERLRQMGSW

.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***
FC FSWGYRRDMALSDVTEESEIISELVQTVSLGGNYLLNIGPTKDGLIVPIFQERLLAVGKW
HP LKVNGEAIYETHTWRSQNDTVTPDVWYTSKPKEKLVYAIFLKWPTSGQLFLGHPKAILGA

*.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***
FC LSINGEAIYASKPWRVQWEKNTTSVWYTSKGSA--VYAIFLHWPENGVLNLESPITT-ST
HP TEVKLLGHGQPLNWSLEQNGIMVELPQLTIHQMPCKWGWALALTNVI

*.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***.***
FC TKITMLGIQGLKWSTDPDKGLFISLPQLPPSAVPAEFAWTIKLTGVK

```

【0038】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 N28668）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0039】

<HP10357>（配列番号 4、14、24）

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10357 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、113bp の 5' 非翻訳領域、300bp の ORF、54bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 99 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2 箇所の推定膜貫通ド

メインが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量10,923とほぼ同じ11kDaの翻訳産物が生成した。

【0040】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA477156）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0041】

<HP10447>（配列番号5、15、25）

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP10447のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、271bpの5'非翻訳領域、570bpのORF、34bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは189アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、5箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0042】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA296976）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0043】

<HP10477>（配列番号6、16、26）

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP10477のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、149bpの5'非翻訳領域、1

酸残基からなる蛋白質をコードしており、5箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求め

た本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量39,884とほぼ同じ40 kDaの翻訳産物が生成した。

【 0 0 4 4 】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトペプチドグリカン認識蛋白質（GenBankアクセシオン番号AF076483）と類似性を有していた。表5に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒトペプチドグリカン認識蛋白質（PG）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、54.8%の相同性を有していた。

【 0 0 4 5 】

## 【表 5】

表 5

```

HP  MVDSLLAVTLAGNLGLTFLRGSQTQSHPD LGTEGCWDQLSAPRTFTLLDPKASLLTKAFL
HP  NGALDGVILGDYLSRTPEPRPSLSHLLSQYYGAGVARDPGFRSNFRRQNGAALTSASILA
HP  QQVWGTLVLLQRLEPVHLQLQCMSQEQLAQVAANATKEFTEAFLGCPAIHPRCRWGAAPY
                                     *. * ** * * .
PG                               MSRRSMLLAWALPSLLRLGAAQETEDPACCSPIVPRNEWKALA-
HP  RGRPKLLQLPLGFLYVHHTYVPAPPCTDFTRCAANMRSMQRYHQDTQGWDIGYSFVVGSG
.. .. * *** .. * ** .....*.. ..*... *.*.** . * ** *.**.*...*.
PG  SECAQHLSLPLRYVVVSHT--AGSSCNTPASCQQQARNVQHYHMKTLGWCDVGYNFLIGE
HP  DGYVYEGRGWHWGAHTLGH-NSRGGFVAIVGNYTAALPTEAALRTVRDTLPSCAVRAGL
** *****...***.      *....*....*** . .** .*. *... * .*. * .*
PG  DGLVYEGRGWNTGAHSGHLWNPMSIGISFMGNYMDRVPTPQAIRAAQGLL-ACGVAQGA
HP  LRPDYALLGHRQLVRTDCPGDALFDLLRTWPHFTATVKPRPARSVSKRSRREPPPRTLPA
**..*.* ***.. ** .**..*..*...***.
PG  LRSNYVLKGHRDVQRTLSPGNQLYHLIQNWPHYRSP

```

## 【0046】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA424759）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

## 【0047】

<HP10513>（配列番号 7、17、27）

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10513 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、134bp の 5' 非翻訳領域、750bp の ORF、0bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 249 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N 末端に 1 箇所の膜貫通ドメインが存在した。図 7 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 27,373 とほぼ同じ 29kDa の翻訳産物が生成した。

## 【0048】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト仮想蛋白質 KIAA0512（GenBank アクセシオン番号 AB011084）と類似性を有していた。表 6 に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒト仮想蛋白質 KIAA0512（KI）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。C 末端領域 196 アミノ酸残基において、31.6% の相同性を有していた。

## 【0049】

## 【表 6】

表 6

KI RGRGRRPVAMQKRPFPEIDEILGVRDLRKVLALLQKSDDPFIQQVALLTLSNNANYSCN  
 HP DRELGIRSSKSAEDLTGDSYDDVLNAEQLQKLLYLESTEDPVIERALITLGNNAAFSV

\* . . . \* . \* \* \* . . . \*

KI QETIRKLGGLP I IANMINKTDPHIKEKALMAMNNLS ENYENQGR LQVYMNKVMDDIMASN  
 HP NQAIIRELGGIPIVANKINHSNQSIKEKALNALNNLSVNVENQIKIKVQVLKLLLNSEN

.....\*

KI LNSAVQVVGLKFLTNMTITNDYQHLLVNSIANF--FRLLSQGGGKIKVEILKILSNFAEN  
 HP PAMTEGLLRAQVDSSFLSLYDSHVAKEILLRVLTLFQNIKNCLKIEGLAVQPTFTEGSL

\* . \* . \*\* . \*\* . \*\* \*\*\* . \* . \* . \*\*\* . . . \*\*\*\* . \* . \* . \* . . . \* . \*\*\*

KI PDMLKKLLSTQVPASFSSLYNSYVESEILINALTLFEI IYDNLRAE--VFNYREFNKGSL  
 HP FFL-LHGEECAQKIRALVDHHDAAEVKEKVVTIIPKI

\*. \*      .. \*..\*\*\*\*\*..\*\*\*      \*\* \*\*.. .. \*.

KI FYLCTTSGVCVKKIRALANHDDL VKVKVIKLVNKF

【0050】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて G e n B a n k を検索したところ、E S T の中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 N 9 2 2 2 8）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【 0 0 5 1 】

<HP 10540> (配列番号 8、18、28)

ヒト骨肉腫細胞株 S a o s - 2 c D N A ライブラリーから得られたクローン H P 1 0 5 4 0 の c D N A インサートの全塩基配列を決定したところ、47 b p の 5' 非翻訳領域、297 b p の O R F、245 b p の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。O R F は 98 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所 の推定膜貫通ドメインが存在した。図 8 に K y t e - D o o l i t t l e の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【 0 0 5 2 】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質 C E F 4 9 C 1 2 . 1 2 ( G e n B a n k アクセション番号 Z 6 8 2 2 7 ) と類似性を有していた。表 7 に、本発明のヒト蛋白質 ( H P ) と線虫仮想蛋白質 C E F 4 9 C 1 2 . 1 2 ( C E ) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、3 6 . 1 % の相同性を有していた。

【 0 0 5 3 】

【表 7】

表 7

HP M-ASLLCCGPKLAACGIVLSAWGVIMLIMLGIFFNVHSAVLIEDVPFTEKDFENGPNQIY

\*                \*\*\*     \*       \*   \*   \*\*\*\*\*   \*       \*\*   \*\*               \*   \*   \*   \*                   \*

CE MGKICPLMGPKMSAFCMVMSVWGVIFLGLLGVFFYIQAVTLFPDLHF-EGHGKVPSSVID

HP NLYEQVSYNCFIAAGLYLLGGFSFCQVRLNKRKEYMVR

\*                   \*       \*\*\*\*\*                   \*       \*       \*\*

CE AKYNEKATQCWIAAGLYAVTLIAVFWQ---NKYNTAQIF

【0054】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA420715）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【 0 0 5 5 】

<HP 10557> (配列番号9、19、29)

ヒト胃癌 cDNAライブラリーから得られたクローン HP 10557 の cDN

Fは172アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シ

グナルが存在した。図9にK y t e - D o o l i t t l eの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量18,844より大きい32kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌後何らかの修飾を受けたと考えられる39kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位は存在しない。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3, -1)規則を適用すると、成熟蛋白質は32番目のグリシンから始まると予想される。

## 【0056】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトプロゲステロン結合蛋白質(EMBLアクセション番号AJ002030)と類似性を有していた。表8に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒトプロゲステロン結合蛋白質(PG)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端領域151アミノ酸残基において、30.5%の相同性を有していた。

## 【0057】

## 【表8】

表8

HP

MVG PAP

PG MAAGDGDV KLGTLGSGSESSNDGGSESPGDAGAAAEGGGWAAAALALLTGGGEMLLNVAL

HP RRRLRPLAALALVLALAPGLPTARAGQTPRPAERGPPV--RLFTEEELARYGGEEEDQPI

\*\* . . . . .\*\* . . . \* . \* . \* . \* . . . \*

PG VALVLLGAYRLWVRWGRRGLGAGAGAGEESPATSLPRMKKRDFSLEQLRQYDG-SRNPRI

HP YLAVKGVVFDVTSGKEFYGRGAPYNALTGKDSTRGVAKMSLDPADLTHD TTGLTAKELEA

\*\*\*. \* \*\*\*\*\*. \* .\*\*\*. . .\*\* . . . \* . \* . \* . \* . . . \*

PG LLAVNGKVFVDVTGSKFYGPAGPYGIFAGR DASRGLATFCLDKDALRDEYDDLSDLNVAQ



HP LDEV--FTKVYKAKYPIVGYTARRILNEDGSPNLDFKPEDQPHFDIKDEF

...\* ... \*.\*\* ...\*.\*. ...\*... ..\*..

PG MESVREWEMQFKEKY---DYVG-RLLKPGEEPS-EYTDEEDTKDHNKQD

# 【0058】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA101709）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

# 【0059】

<HP10563>（配列番号10、20、30）

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10563のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、126bpの5' 非翻訳領域、363bpのORF、936bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは120アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量13,180より大きい18.5kDaの翻訳産物が生成した。

# 【0060】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、シロイナズナ仮想蛋白質F27F23.15（GenBankアクセシオン番号AC003058）と類似性を有していた。表9に、本発明のヒト蛋白質（HP）とシロイナズナ仮想蛋白質F27F23.15（AT）のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、35.5

# 【表9】

表 9

---

HP MMPSRTNLATGIPSSKVKYSRLSSTDDGYIDLQFKKTPPKIPYKAIALATVLFLLIGAFLI

\*..\* \*. . . . . \* \*.\*\*.\*. .... \*

AT MAYVDHAFSISDEDLMIGTSY-TVSNRPPVKEISLAVGLLVFGTLGI

HP IIGSLLLSGYISKGGADRAVPVLIIGILVFLPGFYHLRIAYYASKGYRGYSYDDIPDFDD

..\* .. . . \* . . . . . . . \* \*.\*\*.\*. .... \*\*\*\*\* \*\*\*.\*\*.\*. .... \*\*

AT VLGFFMAYNRVG-GDRGHGIFFIVLGCLLFIPGFYYTRIAYYAYKGKGFSSNIPSV

---

### 【0062】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA083574）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

### 【0063】

#### 【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

### 【0064】

#### 【配列表】

配列番号 : 1

配列の長さ : 313

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 蛋白質

ハイボセティカル : No

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 胃癌

クローン名 : HP01426

配列

Met Asn Gln Leu Ser Phe Leu Leu Phe Leu Ile Ala Thr Thr Arg Gly  
 1 5 10 15  
 Trp Ser Thr Asp Glu Ala Asn Thr Tyr Phe Lys Glu Trp Thr Cys Ser  
 20 25 30  
 Ser Ser Pro Ser Leu Pro Arg Ser Cys Lys Glu Ile Lys Asp Glu Cys  
 35 40 45  
 Pro Ser Ala Phe Asp Gly Leu Tyr Phe Leu Arg Thr Glu Asn Gly Val  
 50 55 60  
 Ile Tyr Gln Thr Phe Cys Asp Met Thr Ser Gly Gly Gly Gly Trp Thr  
 65 70 75 80  
 Leu Val Ala Ser Val His Glu Asn Asp Met Arg Gly Lys Cys Thr Val  
 85 90 95  
 Gly Asp Arg Trp Ser Ser Gln Gln Gly Ser Lys Ala Asp Tyr Pro Glu  
 100 105 110  
 Gly Asp Gly Asn Trp Ala Asn Tyr Asn Thr Phe Gly Ser Ala Glu Ala

Glu Thr Ser Asp Asp Val Lys Asn Thr Gly Val Lys Asp Val Thr Ser

130

135

140

Lys Asp Leu Gly Ile Trp His Val Pro Asn Lys Ser Pro Met Gln His			
145	150	155	160
Trp Arg Asn Ser Ser Leu Leu Arg Tyr Arg Thr Asp Thr Gly Phe Leu			
	165	170	175
Gln Thr Leu Gly His Asn Leu Phe Gly Ile Tyr Gln Lys Tyr Pro Val			
	180	185	190
Lys Tyr Gly Glu Gly Lys Cys Trp Thr Asp Asn Gly Pro Val Ile Pro			
	195	200	205
Val Val Tyr Asp Phe Gly Asp Ala Gln Lys Thr Ala Ser Tyr Tyr Ser			
	210	215	220
Pro Tyr Gly Gln Arg Glu Phe Thr Ala Gly Phe Val Gln Phe Arg Val			
225	230	235	240
Phe Asn Asn Glu Arg Ala Ala Asn Ala Leu Cys Ala Gly Met Arg Val			
	245	250	255
Thr Gly Cys Asn Thr Glu His His Cys Ile Gly Gly Gly Gly Tyr Phe			
	260	265	270
Pro Glu Ala Ser Pro Gln Gln Cys Gly Asp Phe Ser Gly Phe Asp Trp			
	275	280	285
Ser Gly Tyr Gly Thr His Val Gly Tyr Ser Ser Ser Arg Glu Ile Thr			
	290	295	300
Glu Ala Ala Val Leu Leu Phe Tyr Arg			
305	310		

【0065】

配列番号：2

配列の長さ：229

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 骨肉腫

セルライン: S a o s - 2

クローン名: H P 0 2 5 1 5

配列

Met	Gly	Asp	Lys	Ile	Trp	Leu	Pro	Phe	Pro	Val	Leu	Leu	Leu	Ala	Ala
1				5					10					15	
Leu	Pro	Pro	Val	Leu	Leu	Pro	Gly	Ala	Ala	Gly	Phe	Thr	Pro	Ser	Leu
			20					25						30	
Asp	Ser	Asp	Phe	Thr	Phe	Thr	Leu	Pro	Ala	Gly	Gln	Lys	Glu	Cys	Phe
		35					40					45			
Tyr	Gln	Pro	Met	Pro	Leu	Lys	Ala	Ser	Leu	Glu	Ile	Glu	Tyr	Gln	Val
		50				55					60				
Leu	Asp	Gly	Ala	Gly	Leu	Asp	Ile	Asp	Phe	His	Leu	Ala	Ser	Pro	Glu
	65				70				75					80	
Gly	Lys	Thr	Leu	Val	Phe	Glu	Gln	Arg	Lys	Ser	Asp	Gly	Val	His	Thr
			85					90					95		
Val	Glu	Thr	Glu	Val	Gly	Asp	Tyr	Met	Phe	Cys	Phe	Asp	Asn	Thr	Phe
			100					105					110		
Ser	Thr	Ile	Ser	Glu	Lys	Val	Ile	Phe	Phe	Glu	Leu	Ile	Leu	Asp	Asn
		115					120						125		
Met	Gly	Glu	Gln	Ala	Gln	Glu	Gln	Glu	Asp	Trp	Lys	Lys	Tyr	Ile	Thr
		130				135					140				
Gly	Thr	Asp	Ile	Leu	Asp	Met	Lys	Leu	Glu	Asp	Ile	Leu	Glu	Ser	Ile
	145				150					155				160	

Leu Arg Ala Phe Glu Ala Arg Asp Arg Asn Ile Gln Glu Ser Asn Phe

180 185 190  
 Asp Arg Val Asn Phe Trp Ser Met Val Asn Leu Val Val Met Val Val  
 195 200 205  
 Val Ser Ala Ile Gln Val Tyr Met Leu Lys Ser Leu Phe Glu Asp Lys  
 210 215 220  
 Arg Lys Ser Arg Thr  
 225

【0066】

配列番号：3

配列の長さ：467

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP02575

配列

Met Arg Pro Gln Glu Leu Pro Arg Leu Ala Phe Pro Leu Leu Leu Leu  
 1 5 10 15  
 Leu Leu Leu Leu Leu Pro Pro Pro Pro Cys Pro Ala His Ser Ala Thr  
 20 25 30  
 Arg Phe Asp Pro Thr Trp Glu Ser Leu Asp Ala Arg Gln Leu Pro Ala  
 35 40 45  
 Trp Phe Asp Gln Ala Lys Phe Gly Ile Phe Ile His Trp Gly Val Phe  
 50 55 60  
 Ser Val Pro Ser Phe Gly Ser Glu Trp Phe Trp Trp Tyr Trp Gln Lys

65	70	75	80
Glu Lys Ile Pro Lys Tyr Val Glu Phe Met Lys Asp Asn Tyr Pro Pro			
85	90	95	
Ser Phe Lys Tyr Glu Asp Phe Gly Pro Leu Phe Thr Ala Lys Phe Phe			
100	105	110	
Asn Ala Asn Gln Trp Ala Asp Ile Phe Gln Ala Ser Gly Ala Lys Tyr			
115	120	125	
Ile Val Leu Thr Ser Lys His His Glu Gly Phe Thr Leu Trp Gly Ser			
130	135	140	
Glu Tyr Ser Trp Asn Trp Asn Ala Ile Asp Glu Gly Pro Lys Arg Asp			
145	150	155	160
Ile Val Lys Glu Leu Glu Val Ala Ile Arg Asn Arg Thr Asp Leu Arg			
165	170	175	
Phe Gly Leu Tyr Tyr Ser Leu Phe Glu Trp Phe His Pro Leu Phe Leu			
180	185	190	
Glu Asp Glu Ser Ser Ser Phe His Lys Arg Gln Phe Pro Val Ser Lys			
195	200	205	
Thr Leu Pro Glu Leu Tyr Glu Leu Val Asn Asn Tyr Gln Pro Glu Val			
210	215	220	
Leu Trp Ser Asp Gly Asp Gly Gly Ala Pro Asp Gln Tyr Trp Asn Ser			
225	230	235	240
Thr Gly Phe Leu Ala Trp Leu Tyr Asn Glu Ser Pro Val Arg Gly Thr			
245	250	255	
Val Val Thr Asn Asp Arg Trp Gly Ala Gly Ser Ile Cys Lys His Gly			
260	265	270	
Gly Phe Tyr Thr Cys Ser Asp Arg Tyr Asn Pro Gly His Leu Leu Pro			

His Lys Trp Glu Asn Asn Met Thr Thr Asp Lys Leu Leu Thr Thr

290

295

300

Arg Arg Glu Ala Gly Ile Ser Asp Tyr Leu Thr Ile Glu Glu Leu Val			
305	310	315	320
Lys Gln Leu Val Glu Thr Val Ser Cys Gly Gly Asn Leu Leu Met Asn			
	325	330	335
Ile Gly Pro Thr Leu Asp Gly Thr Ile Ser Val Val Phe Glu Glu Arg			
	340	345	350
Leu Arg Gln Met Gly Ser Trp Leu Lys Val Asn Gly Glu Ala Ile Tyr			
	355	360	365
Glu Thr His Thr Trp Arg Ser Gln Asn Asp Thr Val Thr Pro Asp Val			
	370	375	380
Trp Tyr Thr Ser Lys Pro Lys Glu Lys Leu Val Tyr Ala Ile Phe Leu			
385	390	395	400
Lys Trp Pro Thr Ser Gly Gln Leu Phe Leu Gly His Pro Lys Ala Ile			
	405	410	415
Leu Gly Ala Thr Glu Val Lys Leu Leu Gly His Gly Gln Pro Leu Asn			
	420	425	430
Trp Ile Ser Leu Glu Gln Asn Gly Ile Met Val Glu Leu Pro Gln Leu			
	435	440	445
Thr Ile His Gln Met Pro Cys Lys Trp Gly Trp Ala Leu Ala Leu Thr			
	450	455	460
Asn Val Ile			
465			

【 0 0 6 7 】

配列番号 : 4

配列の長さ : 9 9

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : 蛋白質

ハイポセティカル : N O



起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 胃癌

クローン名: HP10357

配列

Met Asp Asn Val Gln Pro Lys Ile Lys His Arg Pro Phe Cys Phe Ser

1 5 10 15

Val Lys Gly His Val Lys Met Leu Arg Leu Asp Ile Ile Asn Ser Leu

20 25 30

Val Thr Thr Val Phe Met Leu Ile Val Ser Val Leu Ala Leu Ile Pro

35 40 45

Glu Thr Thr Thr Leu Thr Val Gly Gly Gly Val Phe Ala Leu Val Thr

50 55 60

Ala Val Cys Cys Leu Ala Asp Gly Ala Leu Ile Tyr Arg Lys Leu Leu

65 70 75 80

Phe Asn Pro Ser Gly Pro Tyr Gln Gln Lys Pro Val His Glu Lys Lys

85 90 95

Glu Val Leu

【0068】

配列番号: 5

配列の長さ: 189

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 蛋白質

ハイポセティカル: No

起源:

細胞の種類: 肝臓

クローン名: HP10447

配列

Met	Glu	Glu	Gly	Gly	Asn	Leu	Gly	Gly	Leu	Ile	Lys	Met	Val	His	Leu
1					5					10					15
Leu	Val	Leu	Ser	Gly	Ala	Trp	Gly	Met	Gln	Met	Trp	Val	Thr	Phe	Val
				20					25					30	
Ser	Gly	Phe	Leu	Leu	Phe	Arg	Ser	Leu	Pro	Arg	His	Thr	Phe	Gly	Leu
			35					40					45		
Val	Gln	Ser	Lys	Leu	Phe	Pro	Phe	Tyr	Phe	His	Ile	Ser	Met	Gly	Cys
			50				55						60		
Ala	Phe	Ile	Asn	Leu	Cys	Ile	Leu	Ala	Ser	Gln	His	Ala	Trp	Ala	Gln
			65			70				75					80
Leu	Thr	Phe	Trp	Glu	Ala	Ser	Gln	Leu	Tyr	Leu	Leu	Phe	Leu	Ser	Leu
					85					90				95	
Thr	Leu	Ala	Thr	Val	Asn	Ala	Arg	Trp	Leu	Glu	Pro	Arg	Thr	Thr	Ala
				100					105					110	
Ala	Met	Trp	Ala	Leu	Gln	Thr	Val	Glu	Lys	Glu	Arg	Gly	Leu	Gly	Gly
				115					120				125		
Glu	Val	Pro	Gly	Ser	His	Gln	Gly	Pro	Asp	Pro	Tyr	Arg	Gln	Leu	Arg
			130				135					140			
Glu	Lys	Asp	Pro	Lys	Tyr	Ser	Ala	Leu	Arg	Gln	Asn	Phe	Phe	Arg	Tyr
			145				150				155			160	
His	Gly	Leu	Ser	Ser	Leu	Cys	Asn	Leu	Gly	Cys	Val	Leu	Ser	Asn	Gly
					165				170					175	
Leu	Cys	Leu	Ala	Gly	Leu	Ala	Leu	Glu	Ile	Arg	Ser	Leu			
				180					185						

【0069】

配列番号：6

配列の長さ：363

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP 10477

配列

Met Val Asp Ser Leu Leu Ala Val Thr Leu Ala Gly Asn Leu Gly Leu

1 5 10 15

Thr Phe Leu Arg Gly Ser Gln Thr Gln Ser His Pro Asp Leu Gly Thr

20 25 30

Glu Gly Cys Trp Asp Gln Leu Ser Ala Pro Arg Thr Phe Thr Leu Leu

35 40 45

Asp Pro Lys Ala Ser Leu Leu Thr Lys Ala Phe Leu Asn Gly Ala Leu

50 55 60

Asp Gly Val Ile Leu Gly Asp Tyr Leu Ser Arg Thr Pro Glu Pro Arg

65 70 75 80

Pro Ser Leu Ser His Leu Leu Ser Gln Tyr Tyr Gly Ala Gly Val Ala

85 90 95

Arg Asp Pro Gly Phe Arg Ser Asn Phe Arg Arg Gln Asn Gly Ala Ala

100 105 110

Leu Thr Ser Ala Ser Ile Leu Ala Gln Gln Val Trp Gly Thr Leu Val

115 120 125

Leu Leu Gln Arg Leu Glu Pro Val His Leu Gln Leu Gln Cys Met Ser

130 135 140

Glu Ala Phe Leu Gly Cys Pro Ala Ile His Pro Arg Cys Arg Trp Gly

165	170	175
Ala Ala Pro Tyr Arg Gly Arg Pro Lys Leu Leu Gln Leu Pro Leu Gly		
180	185	190
Phe Leu Tyr Val His His Thr Tyr Val Pro Ala Pro Pro Cys Thr Asp		
195	200	205
Phe Thr Arg Cys Ala Ala Asn Met Arg Ser Met Gln Arg Tyr His Gln		
210	215	220
Asp Thr Gln Gly Trp Gly Asp Ile Gly Tyr Ser Phe Val Val Gly Ser		
225	230	235
Asp Gly Tyr Val Tyr Glu Gly Arg Gly Trp His Trp Val Gly Ala His		
245	250	255
Thr Leu Gly His Asn Ser Arg Gly Phe Gly Val Ala Ile Val Gly Asn		
260	265	270
Tyr Thr Ala Ala Leu Pro Thr Glu Ala Ala Leu Arg Thr Val Arg Asp		
275	280	285
Thr Leu Pro Ser Cys Ala Val Arg Ala Gly Leu Leu Arg Pro Asp Tyr		
290	295	300
Ala Leu Leu Gly His Arg Gln Leu Val Arg Thr Asp Cys Pro Gly Asp		
305	310	315
Ala Leu Phe Asp Leu Leu Arg Thr Trp Pro His Phe Thr Ala Thr Val		
325	330	335
Lys Pro Arg Pro Ala Arg Ser Val Ser Lys Arg Ser Arg Arg Glu Pro		
340	345	350
Pro Pro Arg Thr Leu Pro Ala Thr Asp Leu Gln		
355	360	

【 0 0 7 0 】

配列番号 : 7

配列の長さ : 2 4 9

配列の型 : アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10513

配列

Met Gly Gly Pro Arg Gly Ala Gly Trp Val Ala Ala Gly Leu Leu Leu

1 5 10 15

Gly Ala Gly Ala Cys Tyr Cys Ile Tyr Arg Leu Thr Arg Gly Arg Arg

20 25 30

Arg Gly Asp Arg Glu Leu Gly Ile Arg Ser Ser Lys Ser Ala Glu Asp

35 40 45

Leu Thr Asp Gly Ser Tyr Asp Asp Val Leu Asn Ala Glu Gln Leu Gln

50 55 60

Lys Leu Leu Tyr Leu Leu Glu Ser Thr Glu Asp Pro Val Ile Ile Glu

65 70 75 80

Arg Ala Leu Ile Thr Leu Gly Asn Asn Ala Ala Phe Ser Val Asn Gln

85 90 95

Ala Ile Ile Arg Glu Leu Gly Gly Ile Pro Ile Val Ala Asn Lys Ile

100 105 110

Asn His Ser Asn Gln Ser Ile Lys Glu Lys Ala Leu Asn Ala Leu Asn

115 120 125

Asn Leu Ser Val Asn Val Glu Asn Gln Ile Lys Ile Lys Val Gln Val

130 135 140

Leu Leu Arg Ala Gln Val Asp Ser Ser Phe Leu Ser Leu Tyr Asp Ser

175



190

205

220



240



配列番号： 8

配列の長さ : 9 8

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン : S a o s - 2

クローン名: HP 1 0 5 4 0

配列

Met Ala Ser Leu Leu Cys Cys Gly Pro Lys Leu Ala Ala Cys Gly Ile

15

Val Leu Ser Ala Trp Gly Val Ile Met Leu Ile Met Leu Gly Ile Phe

30

Phe Asn Val His Ser Ala Val Leu Ile Glu Asp Val Pro Phe Thr Glu



【0073】

配列の長さ： 1 2 0

トポロジー：直鎖状

ハイポセティカル：No

起源：

細胞の種類：骨肉腫

クローン名：HP 10563

Met Met Pro Ser Arg Thr Asn Leu Ala Thr Gly Ile Pro Ser Ser Lys

Val Lys Tyr Ser Arg Leu Ser Ser Thr Asp Asp Gly Tyr Ile Asp Leu



20 25 30  
 Gln Phe Lys Lys Thr Pro Pro Lys Ile Pro Tyr Lys Ala Ile Ala Leu  
 35 40 45  
 Ala Thr Val Leu Phe Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ile Ile Ile Gly Ser  
 50 55 60  
 Leu Leu Leu Ser Gly Tyr Ile Ser Lys Gly Gly Ala Asp Arg Ala Val  
 65 70 75 80  
 Pro Val Leu Ile Ile Gly Ile Leu Val Phe Leu Pro Gly Phe Tyr His  
 85 90 95  
 Leu Arg Ile Ala Tyr Tyr Ala Ser Lys Gly Tyr Arg Gly Tyr Ser Tyr  
 100 105 110  
 Asp Asp Ile Pro Asp Phe Asp Asp  
 115 120

【0074】

配列番号：11

配列の長さ：939

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP01426

配列

ATGAACCAAC TCAGCTTCCT GCTGTTTCTC ATAGCGACCA CCAGAGGATG GAGTACAGAT 60

AAAGGAAA AAAAGGAA AAGGAA AAGGAA AAGGAA AAGGAA AAGGAA AAGGAA  
 GAGAATGGTG TTATCTACCA GACCTTCTGT GACATGACCT CTGGGGGTGG CGGCTGGACC 240

CTGGTGGCCA GCGTGCATGA GAATGACATG CGTGGGAAGT GCACGGTGGG CGATCGCTGG	300
TCCAGTCAGC AGGGCAGCAA AGCAGACTAC CCAGAGGGGG ACGGCAACTG GGCCAACTAC	360
AACACCTTTG GATCTGCAGA GGCGGCCACG AGCGATGACT ACAAGAACCC TGGCTACTAC	420
GACATCCAGG CCAAGGACCT GGGCATCTGG CACGTGCCCC ATAAGTCCCC CATGCAGCAC	480
TGGAGAAACA GCTCCCTGCT GAGGTACCGC ACGGACACTG GCTTCCTCCA GACACTGGGA	540
CATAATCTGT TTGGCATCTA CCAGAAATAT CCAGTGAAAT ATGGAGAAGG AAAGTGTGG	600
ACTGACAACG GCCCGGTGAT CCTGTGGTC TATGATTTTG GCGACGCCCA GAAAACAGCA	660
TCTTATTACT CACCCTATGG CCAGCGGGAA TTCACTGCGG GATTGTTC GTTCAGGGTA	720
TTTAATAACG AGAGAGCAGC CAACGCCTTG TGTGCTGGAA TGAGGGTCAC CGGATGTAAC	780
ACTGAGCACC ACTGCATTGG TGGAGGAGGA TACTTTCCAG AGGCCAGTCC CCAGCAGTGT	840
GGAGATTTTT CTGGTTTTGA TTGGAGTGGA TATGGAATC ATGTTGGTTA CAGCAGCAGC	900
CGTGAGATAA CTGAGGCAGC TGTGCTTCTA TTCTATCGT	939

【0075】

配列番号：12

配列の長さ：687

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP02515

配列

ATGGGCGACA AGATCTGGCT GCCCTTCCCC GTGCTCCTTC TGGCCGCTCT GCCTCCGGTG	60
CTGCTGCCTG GGGCGGCCGG CTTACACCT TCCCTCGATA GCGACTTCAC CTTTACCCTT	120
CCCGCCGGCC AGAAGGAGTG CTTCTACCAG CCCATGCCCC TGAAGGCCTC GCTGGAGATC	180
GAGTACCAAG TTTTAGATGG AGCAGGATTA GATATTGATT TCCATCTTGC CTCTCCAGAA	240

GGCAAAACCT TAGTTTTTGA ACAAAGAAAA TCAGATGGAG TTCACACTGT AGAGACTGAA	300
GTTGGTGATT ACATGTTCTG CTTTGACAAT ACATTCAGCA CCATTTCTGA GAAGGTGATT	360
TTCTTTGAAT TAATCCTGGA TAATATGGGA GAACAGGCAC AAGAACAAGA AGATTGGAAG	420
AAATATATTA CTGGCACAGA TATATTGGAT ATGAAACTGG AAGACATCCT GGAATCCATC	480
AACAGCATCA AGTCCAGACT AAGCAAAAGT GGGCACATAC AAATTCTGCT TAGAGCATTT	540
GAAGCTCGTG ATCGAAACAT ACAAGAAAGC AACTTTGATA GAGTCAATTT CTGGTCTATG	600
GTTAATTTAG TGGTCATGGT GGTGGTGTCA GCCATTCAAG TTTATATGCT GAAGAGTCTG	660
TTTGAAGATA AGAGGAAAAG TAGAACT	687

【 0 0 7 6 】

配列番号 : 1 3

配列の長さ : 1 4 0 1

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : c D N A t o m R N A

起源 :

生物名 : ホモ = サピエンス

細胞の種類 : 骨肉腫

セルライン : S a o s - 2

クローン名 : H P 0 2 5 7 5

配列

ATGCGGCCCC AGGAGCTCCC CAGGCTCGCG TTCCCGTTGC TGCTGTTGCT GTTGCTGCTG	60
CTGCCGCCGC CGCCGTGCCC TGCCACAGC GCCACGCGCT TCGACCCAC CTGGGAGTCC	120
CTGGACGCC GCCAGCTGCC CGCGTGGTTT GACCAGGCCA AGTTCGGCAT CTTCATCCAC	180
TGGGGAGTGT TTTCCGTGCC CAGCTTCGGT AGCGAGTGGT TCTGGTGGTA TTGGCAAAAG	240
GAAAAGATAC CGAAGTATGT GGAATTTATG AAAGATAATT ACCCTCCTAG TTTCAAATAT	300
TTGTGGGGGT CAGAATATTC GTGGAAGTGG AATGCCATAG ATGAGGGGCC CAAGAGGGAC	480

ATTGTCAAGG AACTTGAGGT AGCCATTAGG AACAGAACTG ACCTGCGTTT TGGACTGTAC 540  
TATTCCCTTT TTGAATGGTT TCATCCGCTC TTCCTTGAGG ATGAATCCAG TTCATTCCAT 600  
AAGCGGCAAT TTCCAGTTTC TAAGACATTG CCAGAGCTCT ATGAGTTAGT GAACAACAT 660  
CAGCCTGAGG TTCTGTGGTC GGATGGTGAC GGAGGAGCAC CGGATCAATA CTGGAACAGC 720  
ACAGGCTTCT TGGCCTGGTT ATATAATGAA AGCCAGTTC GGGGCACAGT AGTCACCAAT 780  
GATCGTTGGG GAGCTGGTAG CATCTGTAAG CATGGTGGCT TCTATACCTG CAGTGATCGT 840  
TATAACCCAG GACATCTTTT GCCACATAAA TGGGAAAAC GCATGACAAT AGACAAACTG 900  
TCCTGGGGCT ATAGGAGGGA AGCTGGAATC TCTGACTATC TTACAATTGA AGAATTGGTG 960  
AAGCAACTTG TAGAGACAGT TTCATGTGGA GGAAATCTTT TGATGAATAT TGGGCCACACA 1020  
CTAGATGGCA CCATTTCTGT AGTTTTTGAG GAGCGACTGA GGCAAATGGG GTCCTGGCTA 1080  
AAAGTCAATG GAGAAGCTAT TTATGAAACC CATACTGGC GATCCCAGAA TGACACTGTC 1140  
ACCCAGATG TGTGGTACAC ATCCAAGCCT AAAGAAAAAT TAGTCTATGC CATTTTTCTT 1200  
AAATGGCCCA CATCAGGACA GCTGTTCTT GGCCATCCCA AAGCTATTCT GGGGGCAACA 1260  
GAGGTGAAAC TACTGGGCCA TGGACAGCCA CTTAACTGGA TTTCTTTGGA GCAAAATGGC 1320  
ATTATGGTAG AACTGCCACA GCTAACCATT CATCAGATGC CGTGTAATG GGGCTGGGCT 1380  
CTAGCCCTGA CTAATGTGAT C 1401

【0077】

配列番号：14

配列の長さ：297

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10357

配列

ATGGATAACG TGCAGCCGAA AATAAAACAT CGCCCTTCT GCTTCAGTGT GAAAGGCCAC 60

GTGAAGATGC TGGGCTGGA TATTATCAAC TCACTGGTAA CAACAGTATT CATGCTCATC	120
GSTATCTGTGT TGGCACTGAT ACCAGAAACC ACAACATTGA CAGTTGGTGG AGGGGTGTTT	180
GCACTTGTGA CAGCAGTATG CTGTCTTGCC GACGGGGCCC TTATTTACCG GAAGCTTCTG	240
TTCAATCCCA GCGGTCCTTA CCAGCAAAG CCTGTGCATG AAAAAAAGA AGTTTGTG	297

【 0 0 7 8 】

配列番号 : 1 5

配列の長さ : 5 6 7

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : c D N A t o m R N A

起源 :

生物名 : ホモ=サピエンス

細胞の種類 : 肝臓

クローン名 : H P 1 0 4 4 7

配列

ATGGAGGAAG GCGGGAACCT AGGAGGCCTG ATTAAGATGG TCCATCTACT GGTCTTGTC	60
GGTGCCTGGG GCATGCAAAT GTGGGTGACC TTCGTCTCAG GCTTCCTGCT TTTCCGAAGC	120
CTTCCCCGAC ATACCTTCGG ACTAGTGCAG AGCAAACCTCT TCCCCTTCTA CTTCACATC	180
TCCATGGGCT GTGCCTTCAT CAACCTCTGC ATCTTGCTT CACAGCATGC TTGGGCTCAG	240
CTCACATTCT GGGAGGCCAG CCAGCTTTAC CTGCTGTTCC TGAGCCTTAC GCTGGCCACT	300
GTCAACGCCC GCTGGCTGGA ACCCCGCACC ACAGCTGCCA TGTGGGCCCT GCAAACCGTG	360
GAGAAGGAGC GAGGCCTGGG TGGGGAGGTA CCAGGCAGCC ACCAGGTCC CGATCCCTAC	420
CGCCAGCTGC GAGAGAAGGA CCCCAAGTAC AGTGCTCTCC GCCAGAATT CTCCGCTAC	480
CATGGGCTGT CCTCTCTTTG CAATCTGGGC TGCCTCCTGA GCAATGGGCT CTGTCTCGCT	540
GGCCTTGCCC TGGAAATAAG GAGCCTC	567

配列番号 :

配列の長さ : 1 0 8 9

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10477

配列

ATGGTGGACA GCCTCCTGGC AGTCACCCTG GCTGGAAACC TGGGCCTGAC CTTCCTCCGA	60
GGTTCCCAGA CCCAGAGCCA TCCAGACCTG GGAAGTGAAG GCTGCTGGGA CCAGCTCTCT	120
GCCCCTCGGA CCTTTACGCT TTTGGACCCC AAGGCATCTC TGTTAACCAA GGCCTTCCTC	180
AATGGCGCCC TGGATGGGGT CATCCTTGGA GACTACCTGA GCCGGACTCC TGAGCCCCGG	240
CCATCCCTCA GCCACTTGCT GAGCCAGTAC TATGGGGCTG GGGTGGCCAG AGACCCAGGG	300
TTCCGCAGCA ACTTCCGACG GCAGAACGGT GCTGCTCTGA CTTCAGCCTC CATCCTGGCC	360
CAGCAGGTGT GGGGAACCCT TGTCTTCTA CAGAGGCTGG AGCCAGTACA CCTCCAGCTT	420
CAGTGCATGA GCCAAGAACA GCTGGCCAG GTGGCTGCCA ATGCTACCAA GGAATTCACT	480
GAGGCCTTCC TGGGATGCCC GGCCATCCAC CCCCCTGCC GCTGGGGAGC GGCGCCTTAT	540
CGGGGCCGCC CGAAGCTGCT GCAGCTGCCG CTGGGATTCT TGTACGTGCA TCACACCTAC	600
GTGCCTGCAC CACCCTGCAC GGACTTCACG CGCTGCGCAG CCAACATGCG CTCCATGCAG	660
CGCTACCACC AGGACACGCA AGGCTGGGGA GACATCGGCT ACAGTTTCGT GGTGGGCTCG	720
GACGGCTACG TGTACGAGGG ACGCGGCTGG CACTGGGTGG GCGCCACAC GCTCGGCCAC	780
AACTCCCGGG GCTTCGGCGT GGCCATAGTG GGCAACTACA CCGCGGCGCT GCCACCGAG	840
GCCGCTCTGC GCACGGTGCG CGACACGCTC CCGAGTTGTG CCGTGCGCGC CGGCCTCCTG	900
CGGCCAGACT ACGCGCTGCT GGGCCACCGC CAGCTGGTGC GCACCGACTG CCCC GGCGAC	960
GCGCTCTTCG ACCTGCTGCG CACCTGGCCG CACTTCACCG CGACTGTAA GCCAAGACCT	1020
GCCAGGAGTG TCTCTAAGAG ATCCAGGAGG GAGCCACCCC CAAGGACCCT GCCAGCCACA	1080
GACCTCCAA	1089

【0080】

配列番号: 17

配列の長さ: 747

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 胃癌

クローン名: HP10513

配列

ATGGGTGGCC CCCGGGGCGC GGGCTGGGTG GCGGCGGGCC TGCTGCTCGG CGCGGGCGCC	60
TGCTACTGCA TTTACAGGCT GACCCGGGGT CGGCGGCGGG GCGACCGCGA GCTCGGGATA	120
CGCTCTTCGA AGTCCGCAGA AGACTTAACT GATGGTTCAT ATGATGATGT TCTAAATGCT	180
GAACAACCTC AGAAACTCCT TTACCTGCTG GAGTCAACGG AGGATCCTGT AATTATTGAA	240
AGAGCTTTGA TTACTTTGGG TAACAATGCA GCCTTTTCAG TTAACCAAGC TATTATTCGT	300
GAATTGGGTG GTATTCCAAT TGTTGCAAAC AAAATCAACC ATTCCAACCA GAGTATTAAG	360
GAGAAAGCTT TAAATGCACT AAATAACCTG AGTGTGAATG TTGAAAATCA AATCAAGATA	420
AAGGTGCAAG TTTTGAAACT GCTTTTGAAT TTGTCTGAAA ATCCAGCCAT GACAGAAGGA	480
CTTCTCCGTG CCCAAGTGGA TTCATCATTC CTTTCCCTTT ATGACAGCCA CGTAGCAAAG	540
GAGATTCTTC TTCGAGTACT TACGCTATTT CAGAATATAA AGAACTGCCT CAAAATAGAA	600
GGCCATTTAG CTGTGCAGCC TACTTTCACT GAAGGTTCAT TGTTTTTCCT GTTACATGGA	660
GAAGAATGTG CCCAGAAAAT AAGAGCTTTA GTTGATCACC ATGATGCAGA GGTGAAGGAA	720
AAGGTTGTAA CAATAATACC CAAAATC	747

【0081】

配列番号: 18

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP10540

配列

ATGGCGTCGC TCCTGTGCTG TGGGCCGAAG CTGGCCGCCT GCGGCATCGT CCTCAGCGCC	60
TGGGGAGTGA TCATGTTGAT AATGCTCGGA ATATTTTCA ATGTCCATTC CGCTGTGTTG	120
ATTGAGGACG TTCCCTTCAC GGAGAAAGAT TTTGAGAATG GCCCCAGAA CATATACAAC	180
CTTTACGAGC AAGTCAGCTA CAACTGTTTC ATCGCTGCAG GCCTTTACCT CCTCCTCGGA	240
GGCTTCTCTT TCTGCCAAGT TCGGCTCAAT AAGCGCAAGG AATACATGGT GCGC	294

【0082】

配列番号：19

配列の長さ：516

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10557

配列

ATGGTGGGCC CCGCGCCGCG GCGGCGGCTG CGGCCGCTGG CAGCGCTGGC CCTGGTCCTG	60
GCGCTGGCCC CGGGGCTGCC CACAGCCCGG GCCGGGCAGA CACCGCGCCC TGCCGAGCGG	120
GGGCCCCCAG TGCGGCTTTT CACCGAGGAG GAGCTGGCCC GCTATGGCGG GGAGGAGGAA	180
GATCAGCCCA TCTACTTGGC AGTGAAGGGA GTGGTGTTTG ATGTCACCTC CGGAAAGGAG	240



TTTTATGGAC GAGGAGCCCC CTACAATGCC TTGACGGGGA AGGACTCCAC TAGAGGGGTA	300
GCCAAGATGT CCTTGGATCC TGCAGACCTC ACCCATGACA CTACGGGTCT CACGGCCAAG	360
GAAGTGGAGG CCCTGGATGA GGTCTTCACC AAAGTGACA AAGCCAAATA CCCCATCGTC	420
GGCTACACTG CCCGGAGAAT TCTCAATGAG GATGGCAGCC CTAACCTGGA CTTCAAGCCT	480
GAAGACCAGC CCCATTTTGA CATCAAGGAT GAGTTC	516

【0083】

配列番号：20

配列の長さ：360

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP10563

配列

ATGATGCCGT CCCGTACCAA CCTGGCTACT GGAATCCCCA GTAGTAAAGT GAAATATTCA	60
AGGCTCTCCA GCACAGACGA TGGCTACATT GACCTTCAGT TTAAGAAAAC CCCTCCTAAG	120
ATCCCTTATA AGGCCATCGC ACTTGCCACT GTGCTGTTTT TGATTGGCGC CTTTCTCATT	180
ATTATAGGCT CCCTCCTGCT GTCAGGCTAC ATCAGCAAAG GGGGGGCAGA CCGGGCCGTT	240
CCAGTGCTGA TCATTGGCAT TCTGGTGTTT CTACCCGGAT TTTACCACCT GCGCATCGCT	300
TACTATGCAT CCAAAGGCTA CCGTGGTTAC TCCTATGATG ACATTCCAGA CTTTGATGAC	360

【0084】

配列番号：21

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HPO 1426

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：2..943

特徴を決定した方法：E

配列

A ATG AAC CAA CTC AGC TTC CTG CTG TTT CTC ATA GCG ACC ACC AGA GGA	49
Met Asn Gln Leu Ser Phe Leu Leu Phe Leu Ile Ala Thr Thr Arg Gly	
1 5 10 15	
TGG AGT ACA GAT GAG GCT AAT ACT TAC TTC AAG GAA TGG ACC TGT TCT	97
Trp Ser Thr Asp Glu Ala Asn Thr Tyr Phe Lys Glu Trp Thr Cys Ser	
20 25 30	
TCG TCT CCA TCT CTG CCC AGA AGC TGC AAG GAA ATC AAA GAC GAA TGT	145
Ser Ser Pro Ser Leu Pro Arg Ser Cys Lys Glu Ile Lys Asp Glu Cys	
35 40 45	
CCT AGT GCA TTT GAT GGC CTG TAT TTT CTC CGC ACT GAG AAT GGT GTT	193
Pro Ser Ala Phe Asp Gly Leu Tyr Phe Leu Arg Thr Glu Asn Gly Val	
50 55 60	
ATC TAC CAG ACC TTC TGT GAC ATG ACC TCT GGG GGT GGC GGC TGG ACC	241
Ile Tyr Gln Thr Phe Cys Asp Met Thr Ser Gly Gly Gly Gly Trp Thr	
65 70 75 80	
CTG GTG GCC AGC GTG CAT GAG AAT GAC ATG CGT GGG AAG TGC ACG GTG	289
Leu Val Ala Ser Val His Glu Asn Asp Met Arg Gly Lys Cys Thr Val	
85 90 95	

GGC GAT CGC TGG TCC AGT CAG CAG GGC AGC AAA GCA GAC TAC CCA GAG 337  
Gly Asp Arg Trp Ser Ser Gln Gln Gly Ser Lys Ala Asp Tyr Pro Glu

100                      105                      110

GGG GAC GGC AAC TGG GCC AAC TAC AAC ACC TTT GGA TCT GCA GAG GCG 385  
Gly Asp Gly Asn Trp Ala Asn Tyr Asn Thr Phe Gly Ser Ala Glu Ala

115                      120                      125

GCC ACG AGC GAT GAC TAC AAG AAC CCT GGC TAC TAC GAC ATC CAG GCC 433  
Ala Thr Ser Asp Asp Tyr Lys Asn Pro Gly Tyr Tyr Asp Ile Gln Ala

130                      135                      140

AAG GAC CTG GGC ATC TGG CAC GTG CCC AAT AAG TCC CCC ATG CAG CAC 481  
Lys Asp Leu Gly Ile Trp His Val Pro Asn Lys Ser Pro Met Gln His

145                      150                      155                      160

TGG AGA AAC AGC TCC CTG CTG AGG TAC CGC ACG GAC ACT GGC TTC CTC 529  
Trp Arg Asn Ser Ser Leu Leu Arg Tyr Arg Thr Asp Thr Gly Phe Leu

165                      170                      175

CAG ACA CTG GGA CAT AAT CTG TTT GGC ATC TAC CAG AAA TAT CCA GTG 577  
Gln Thr Leu Gly His Asn Leu Phe Gly Ile Tyr Gln Lys Tyr Pro Val

180                      185                      190

AAA TAT GGA GAA GGA AAG TGT TGG ACT GAC AAC GGC CCG GTG ATC CCT 625  
Lys Tyr Gly Glu Gly Lys Cys Trp Thr Asp Asn Gly Pro Val Ile Pro

195                      200                      205

GTG GTC TAT GAT TTT GGC GAC GCC CAG AAA ACA GCA TCT TAT TAC TCA 673  
Val Val Tyr Asp Phe Gly Asp Ala Gln Lys Thr Ala Ser Tyr Tyr Ser

210                      215                      220

CCC TAT GGC CAG CGG GAA TTC ACT GCG GGA TTT GTT CAG TTC AGG GTA 721  
Pro Tyr Gly Gln Arg Glu Phe Thr Ala Gly Phe Val Gln Phe Arg Val

Phe Asn Asn Glu Arg Ala Ala Asn Ala Leu Cys Ala Gly Met Arg Val

245	250	255	
ACC GGA TGT AAC ACT GAG CAC CAC TGC ATT GGT GGA GGA GGA TAC TTT			817
Thr Gly Cys Asn Thr Glu His His Cys Ile Gly Gly Gly Gly Tyr Phe			
260	265	270	
CCA GAG GCC AGT CCC CAG CAG TGT GGA GAT TTT TCT GGT TTT GAT TGG			865
Pro Glu Ala Ser Pro Gln Gln Cys Gly Asp Phe Ser Gly Phe Asp Trp			
275	280	285	
AGT GGA TAT GGA ACT CAT GTT GGT TAC AGC AGC AGC CGT GAG ATA ACT			913
Ser Gly Tyr Gly Thr His Val Gly Tyr Ser Ser Ser Arg Glu Ile Thr			
290	295	300	
GAG GCA GCT GTG CTT CTA TTC TAT CGT TGAGAGTTTT GTGGGAGGGA			960
Glu Ala Ala Val Leu Leu Phe Tyr Arg			
305	310		
ACCCAGACCT CTCCTCCCAA CCATGAGATC CCAAGGATGG AGAACAACTT ACCCAGTAGC			1020
TAGAATGTTA ATGGCAGAAG AGAAAACAAT AAATCATATT GACTC			1065

【0085】

配列番号：22

配列の長さ：937

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP02515

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置: 177. . 866

特徴を決定した方法: E

## 配列

CTTTTGGAGA ACTGCGCTTC TCTTTCGGAG GGAGTGTCG CCGCCGCCGC GGCCGCCACC	60
TGGAGTTTCT TCAGACTCCA GATTTCCTG TCAACCACGA GGAGTCCAGA GAGGAAACGC	120
GGAGCGGAGA CAACAGTACC TGACGCCTCT TTCAGCCCGG GATCGCCCCA GCAGGG	176
ATG GGC GAC AAG ATC TGG CTG CCC TTC CCC GTG CTC CTT CTG GCC GCT	224
Met Gly Asp Lys Ile Trp Leu Pro Phe Pro Val Leu Leu Leu Ala Ala	
1 5 10 15	
CTG CCT CCG GTG CTG CTG CCT GGG GCG GCC GGC TTC ACA CCT TCC CTC	272
Leu Pro Pro Val Leu Leu Pro Gly Ala Ala Gly Phe Thr Pro Ser Leu	
20 25 30	
GAT AGC GAC TTC ACC TTT ACC CTT CCC GCC GGC CAG AAG GAG TGC TTC	320
Asp Ser Asp Phe Thr Phe Thr Leu Pro Ala Gly Gln Lys Glu Cys Phe	
35 40 45	
TAC CAG CCC ATG CCC CTG AAG GCC TCG CTG GAG ATC GAG TAC CAA GTT	368
Tyr Gln Pro Met Pro Leu Lys Ala Ser Leu Glu Ile Glu Tyr Gln Val	
50 55 60	
TTA GAT GGA GCA GGA TTA GAT ATT GAT TTC CAT CTT GCC TCT CCA GAA	416
Leu Asp Gly Ala Gly Leu Asp Ile Asp Phe His Leu Ala Ser Pro Glu	
65 70 75 80	
GGC AAA ACC TTA GTT TTT GAA CAA AGA AAA TCA GAT GGA GTT CAC ACT	464
Gly Lys Thr Leu Val Phe Glu Gln Arg Lys Ser Asp Gly Val His Thr	
85 90 95	
GTA GAG ACT GAA GTT GGT GAT TAC ATG TTC TGC TTT GAC AAT ACA TTC	512
Val Glu Thr Glu Val Gly Asp Tyr Met Phe Cys Phe Asp Asn Thr Phe	
Ser Thr Ile Ser Glu Lys Val Ile Phe Phe Glu Leu Ile Leu Asp Asn	

115	120	125	
ATG GGA GAA CAG GCA CAA GAA CAA GAA GAT TGG AAG AAA TAT ATT ACT			608
Met Gly Glu Gln Ala Gln Glu Gln Glu Asp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr			
130	135	140	
GGC ACA GAT ATA TTG GAT ATG AAA CTG GAA GAC ATC CTG GAA TCC ATC			656
Gly Thr Asp Ile Leu Asp Met Lys Leu Glu Asp Ile Leu Glu Ser Ile			
145	150	155	160
AAC AGC ATC AAG TCC AGA CTA AGC AAA AGT GGG CAC ATA CAA ATT CTG			704
Asn Ser Ile Lys Ser Arg Leu Ser Lys Ser Gly His Ile Gln Ile Leu			
165	170	175	
CTT AGA GCA TTT GAA GCT CGT GAT CGA AAC ATA CAA GAA AGC AAC TTT			752
Leu Arg Ala Phe Glu Ala Arg Asp Arg Asn Ile Gln Glu Ser Asn Phe			
180	185	190	
GAT AGA GTC AAT TTC TGG TCT ATG GTT AAT TTA GTG GTC ATG GTG GTG			800
Asp Arg Val Asn Phe Trp Ser Met Val Asn Leu Val Val Met Val Val			
195	200	205	
GTG TCA GCC ATT CAA GTT TAT ATG CTG AAG AGT CTG TTT GAA GAT AAG			848
Val Ser Ala Ile Gln Val Tyr Met Leu Lys Ser Leu Phe Glu Asp Lys			
210	215	220	
AGG AAA AGT AGA ACT TAAACTCCA AACTAGAGTA CGTAACATTG AAAAATG			900
Arg Lys Ser Arg Thr			
225			
AGGCATAAAA ATGCAATAAA CTGTTACAGT CAAGACC			937

【 0 0 8 6 】

配列番号 : 2 3

配列の長さ : 1 6 7 8

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP02575

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：56..1459

特徴を決定した方法：E

配列

AGCGCTCCCG AGGCCGCGGG AGCCTGCAGA GAGGACAGCC GGCCTGCGCC GGGAC	55
ATG CGG CCC CAG GAG CTC CCC AGG CTC GCG TTC CCG TTG CTG CTG TTG	103
Met Arg Pro Gln Glu Leu Pro Arg Leu Ala Phe Pro Leu Leu Leu Leu	
1 5 10 15	
CTG TTG CTG CTG CTG CCG CCG CCG CCG TGC CCT GCC CAC AGC GCC ACG	151
Leu Leu Leu Leu Leu Pro Pro Pro Pro Cys Pro Ala His Ser Ala Thr	
20 25 30	
CGC TTC GAC CCC ACC TGG GAG TCC CTG GAC GCC CGC CAG CTG CCC GCG	199
Arg Phe Asp Pro Thr Trp Glu Ser Leu Asp Ala Arg Gln Leu Pro Ala	
35 40 45	
TGG TTT GAC CAG GCC AAG TTC GGC ATC TTC ATC CAC TGG GGA GTG TTT	247
Trp Phe Asp Gln Ala Lys Phe Gly Ile Phe Ile His Trp Gly Val Phe	
50 55 60	
TCC GTG CCC AGC TTC GGT AGC GAG TGG TTC TGG TGG TAT TGG CAA AAG	295
Ser Val Pro Ser Phe Gly Ser Glu Trp Phe Trp Trp Tyr Trp Gln Lys	
...	
Glu Lys Ile Pro Lys Tyr Val Glu Phe Met Lys Asp Asn Tyr Pro Pro	

85	90	95	
AGT TTC AAA TAT GAA GAT TTT GGA CCA CTA TTT ACA GCA AAA TTT TTT			391
Ser Phe Lys Tyr Glu Asp Phe Gly Pro Leu Phe Thr Ala Lys Phe Phe			
100	105	110	
AAT GCC AAC CAG TGG GCA GAT ATT TTT CAG GCC TCT GGT GCC AAA TAC			439
Asn Ala Asn Gln Trp Ala Asp Ile Phe Gln Ala Ser Gly Ala Lys Tyr			
115	120	125	
ATT GTC TTA ACT TCC AAA CAT CAT GAA GGC TTT ACC TTG TGG GGG TCA			487
Ile Val Leu Thr Ser Lys His His Glu Gly Phe Thr Leu Trp Gly Ser			
130	135	140	
GAA TAT TCG TGG AAC TGG AAT GCC ATA GAT GAG GGG CCC AAG AGG GAC			535
Glu Tyr Ser Trp Asn Trp Asn Ala Ile Asp Glu Gly Pro Lys Arg Asp			
145	150	155	160
ATT GTC AAG GAA CTT GAG GTA GCC ATT AGG AAC AGA ACT GAC CTG CGT			583
Ile Val Lys Glu Leu Glu Val Ala Ile Arg Asn Arg Thr Asp Leu Arg			
165	170	175	
TTT GGA CTG TAC TAT TCC CTT TTT GAA TGG TTT CAT CCG CTC TTC CTT			631
Phe Gly Leu Tyr Tyr Ser Leu Phe Glu Trp Phe His Pro Leu Phe Leu			
180	185	190	
GAG GAT GAA TCC AGT TCA TTC CAT AAG CGG CAA TTT CCA GTT TCT AAG			679
Glu Asp Glu Ser Ser Ser Phe His Lys Arg Gln Phe Pro Val Ser Lys			
195	200	205	
ACA TTG CCA GAG CTC TAT GAG TTA GTG AAC AAC TAT CAG CCT GAG GTT			727
Thr Leu Pro Glu Leu Tyr Glu Leu Val Asn Asn Tyr Gln Pro Glu Val			
210	215	220	
CTG TGG TCG GAT GGT GAC GGA GGA GCA CCG GAT CAA TAC TGG AAC AGC			775
Leu Trp Ser Asp Gly Asp Gly Gly Ala Pro Asp Gln Tyr Trp Asn Ser			
225	230	235	240
ACA GGC TTC TTG GCC TGG TTA TAT AAT GAA AGC CCA GTT CGG GGC ACA			823



Thr Gly Phe Leu Ala Trp Leu Tyr Asn Glu Ser Pro Val Arg Gly Thr	
245 250 255	
GTA GTC ACC AAT GAT CGT TGG GGA GCT GGT AGC ATC TGT AAG CAT GGT	871
Val Val Thr Asn Asp Arg Trp Gly Ala Gly Ser Ile Cys Lys His Gly	
260 265 270	
GGC TTC TAT ACC TGC AGT GAT CGT TAT AAC CCA GGA CAT CTT TTG CCA	919
Gly Phe Tyr Thr Cys Ser Asp Arg Tyr Asn Pro Gly His Leu Leu Pro	
275 280 285	
CAT AAA TGG GAA AAC TGC ATG ACA ATA GAC AAA CTG TCC TGG GGC TAT	967
His Lys Trp Glu Asn Cys Met Thr Ile Asp Lys Leu Ser Trp Gly Tyr	
290 295 300	
AGG AGG GAA GCT GGA ATC TCT GAC TAT CTT ACA ATT GAA GAA TTG GTG	1015
Arg Arg Glu Ala Gly Ile Ser Asp Tyr Leu Thr Ile Glu Glu Leu Val	
305 310 315 320	
AAG CAA CTT GTA GAG ACA GTT TCA TGT GGA GGA AAT CTT TTG ATG AAT	1063
Lys Gln Leu Val Glu Thr Val Ser Cys Gly Gly Asn Leu Leu Met Asn	
325 330 335	
ATT GGG CCC ACA CTA GAT GGC ACC ATT TCT GTA GTT TTT GAG GAG CGA	1111
Ile Gly Pro Thr Leu Asp Gly Thr Ile Ser Val Val Phe Glu Glu Arg	
340 345 350	
CTG AGG CAA ATG GGG TCC TGG CTA AAA GTC AAT GGA GAA GCT ATT TAT	1159
Leu Arg Gln Met Gly Ser Trp Leu Lys Val Asn Gly Glu Ala Ile Tyr	
355 360 365	
GAA ACC CAT ACC TGG CGA TCC CAG AAT GAC ACT GTC ACC CCA GAT GTG	1207
Glu Thr His Thr Trp Arg Ser Gln Asn Asp Thr Val Thr Pro Asp Val	
370 375 380	
385 390 395 400	

AAA TGG CCC ACA TCA GGA CAG CTG TTC CTT GGC CAT CCC AAA GCT ATT	1303
Lys Trp Pro Thr Ser Gly Gln Leu Phe Leu Gly His Pro Lys Ala Ile	
405 410 415	
CTG GGG GCA ACA GAG GTG AAA CTA CTG GGC CAT GGA CAG CCA CTT AAC	1351
Leu Gly Ala Thr Glu Val Lys Leu Leu Gly His Gly Gln Pro Leu Asn	
420 425 430	
TGG ATT TCT TTG GAG CAA AAT GGC ATT ATG GTA GAA CTG CCA CAG CTA	1399
Trp Ile Ser Leu Glu Gln Asn Gly Ile Met Val Glu Leu Pro Gln Leu	
435 440 445	
ACC ATT CAT CAG ATG CCG TGT AAA TGG GGC TGG GCT CTA GCC CTG ACT	1447
Thr Ile His Gln Met Pro Cys Lys Trp Gly Trp Ala Leu Ala Leu Thr	
450 455 460	
AAT GTG ATC TAAAGTGCAG CAGAGTGGCT GATGCTGCAA GTTATGTCTA AGGC	1500
Asn Val Ile	
465	
TAGGA ACTAT CAGGTGTCTA TAATTGTAGC ACATGGAGAA AGCAAATGTA AAAGTGGATA	1560
AGAAAATTAT TTTGGCAGTT CAGCCCTTTC CCTTTTCCC ACTAAATTTT TTCTTAAATT	1620
ACCCATGTAA CCATTTTAAC TCTCCAGTGC ACTTTGCCAT TAAAGTCTCT TCACATTG	1678

【0087】

配列番号：24

配列の長さ：467

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10357

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：114...413

特徴を決定した方法：E

配列

AGGGGAGGGC GGTGCTCCGC CGCGGTGGCG GTTGCTATCG CTTCGCAGAA CCTACTCAGG 60  
CAGCCAGCTG AGAAGAGTTG AGGGAAAGTG CTGCTGCTGG GTCTGCAGAC GCG ATG 116

Met

1

GAT AAC GTG CAG CCG AAA ATA AAA CAT CGC CCC TTC TGC TTC AGT GTG 164  
Asp Asn Val Gln Pro Lys Ile Lys His Arg Pro Phe Cys Phe Ser Val

5

10

15

AAA GGC CAC GTG AAG ATG CTG CGG CTG GAT ATT ATC AAC TCA CTG GTA 212  
Lys Gly His Val Lys Met Leu Arg Leu Asp Ile Ile Asn Ser Leu Val

20

25

30

ACA ACA GTA TTC ATG CTC ATC GTA TCT GTG TTG GCA CTG ATA CCA GAA 260  
Thr Thr Val Phe Met Leu Ile Val Ser Val Leu Ala Leu Ile Pro Glu

35

40

45

ACC ACA ACA TTG ACA GTT GGT GGA GGG GTG TTT GCA CTT GTG ACA GCA 308  
Thr Thr Thr Leu Thr Val Gly Gly Gly Val Phe Ala Leu Val Thr Ala

50

55

60

65

GTA TGC TGT CTT GCC GAC GGG GCC CTT ATT TAC CGG AAG CTT CTG TTC 356  
Val Cys Cys Leu Ala Asp Gly Ala Leu Ile Tyr Arg Lys Leu Leu Phe

70

75

80

AAT CCC AGC GGT CCT TAC CAG CAA AAG CCT GTG CAT GAA AAA AAA GAA 404  
Asn Pro Ser Gly Pro Tyr Gln Gln Lys Pro Val His Glu Lys Lys Glu

Val Leu

CATATTTCTG TATTCTT

467

【0088】

配列番号：25

配列の長さ：875

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10447

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：272..841

特徴を決定した方法：E

配列

ATTGGTTGGG GGAAACCCAC GAGGGGACGC GGCCGAGGAG GGTCGCTGTC CACCCGGGGG	60
CGTGGGAGTG AGGTACCAGA TTCAGCCCAT TTGGCCCCGA CGCCTCTGTT CTCGGAATCC	120
GGGTGCTGCG GATTGAGGTC CCGGTTCCCTA ACGAATCTCT GCTGGATTGG CCGTAACCCT	180
GTCCCCGAGC GGGCTCACAG GGTCTGAAGG CCACGCATGA GGCAAAGGTA AAGTTCTGAG	240
CCACCCGGTG CCTCCTTCCC AGGACTGCAA G ATG GAG GAA GGC GGG AAC CTA	292
Met Glu Glu Gly Gly Asn Leu	
1 5	
GGA GGC CTG ATT AAG ATG GTC CAT CTA CTG GTC TTG TCA GGT GCC TGG	340
Gly Gly Leu Ile Lys Met Val His Leu Leu Val Leu Ser Gly Ala Trp	
10 15 20	
GGC ATG CAA ATG TGG GTG ACC TTC GTC TCA GGC TTC CTG CTT TTC CGA	388

Gly Met Gln Met Trp Val Thr Phe Val Ser Gly Phe Leu Leu Phe Arg	
25 30 35	
AGC CTT CCC CGA CAT ACC TTC GGA CTA GTG CAG AGC AAA CTC TTC CCC	436
Ser Leu Pro Arg His Thr Phe Gly Leu Val Gln Ser Lys Leu Phe Pro	
40 45 50 55	
TTC TAC TTC CAC ATC TCC ATG GGC TGT GCC TTC ATC AAC CTC TGC ATC	484
Phe Tyr Phe His Ile Ser Met Gly Cys Ala Phe Ile Asn Leu Cys Ile	
60 65 70	
TTG GCT TCA CAG CAT GCT TGG GCT CAG CTC ACA TTC TGG GAG GCC AGC	532
Leu Ala Ser Gln His Ala Trp Ala Gln Leu Thr Phe Trp Glu Ala Ser	
75 80 85	
CAG CTT TAC CTG CTG TTC CTG AGC CTT ACG CTG GCC ACT GTC AAC GCC	580
Gln Leu Tyr Leu Leu Phe Leu Ser Leu Thr Leu Ala Thr Val Asn Ala	
90 95 100	
CGC TGG CTG GAA CCC CGC ACC ACA GCT GCC ATG TGG GCC CTG CAA ACC	628
Arg Trp Leu Glu Pro Arg Thr Thr Ala Ala Met Trp Ala Leu Gln Thr	
105 110 115	
GTG GAG AAG GAG CGA GGC CTG GGT GGG GAG GTA CCA GGC AGC CAC CAG	676
Val Glu Lys Glu Arg Gly Leu Gly Gly Glu Val Pro Gly Ser His Gln	
120 125 130 135	
GGT CCC GAT CCC TAC CGC CAG CTG CGA GAG AAG GAC CCC AAG TAC AGT	724
Gly Pro Asp Pro Tyr Arg Gln Leu Arg Glu Lys Asp Pro Lys Tyr Ser	
140 145 150	
GCT CTC CGC CAG AAT TTC TTC CGC TAC CAT GGG CTG TCC TCT CTT TGC	772
Ala Leu Arg Gln Asn Phe Phe Arg Tyr His Gly Leu Ser Ser Leu Cys	
155 160 165	
Asn Leu Gly Cys Val Leu Met Asn Gly Leu Asn Glu Pro Lys Leu Thr	
170 175 180	

CTG GAA ATA AGG AGC CTC TAGCATGGGC CCTGCATGCT AATAAATGCT TCTTCAG 875

Leu Glu Ile Arg Ser Leu

185

【0089】

配列番号：26

配列の長さ：1256

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10477

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：150..1241

特徴を決定した方法：E

配列

ATGTAAGAGC CACCTCCTCC CCAGGACTCA GGGATGGCTC TCCAGATGTC ACCACTGCAG 60

ATATTGGAGC CAACACTCCA GATGCTACAA AAGGCTGTCC AGATGTCCAA GCTTCCTTGC 120

CAGATGCCAA AGCCAAGTCC CCACCGACC ATG GTG GAC AGC CTC CTG GCA GTC 173

Met Val Asp Ser Leu Leu Ala Val

1

5

ACC CTG GCT GGA AAC CTG GGC CTG ACC TTC CTC CGA GGT TCC CAG ACC 221

Thr Leu Ala Gly Asn Leu Gly Leu Thr Phe Leu Arg Gly Ser Gln Thr

10

15

20

CAG AGC CAT CCA GAC CTG GGA ACT GAG GGC TGC TGG GAC CAG CTC TCT 269

Gln Ser His Pro Asp Leu Gly Thr Glu Gly Cys Trp Asp Gln Leu Ser

25	30	35	40	
GCC CCT CGG ACC TTT ACG CTT TTG GAC CCC AAG GCA TCT CTG TTA ACC				317
Ala Pro Arg Thr Phe Thr Leu Leu Asp Pro Lys Ala Ser Leu Leu Thr				
45	50	55		
AAG GCC TTC CTC AAT GGC GCC CTG GAT GGG GTC ATC CTT GGA GAC TAC				365
Lys Ala Phe Leu Asn Gly Ala Leu Asp Gly Val Ile Leu Gly Asp Tyr				
60	65	70		
CTG AGC CGG ACT CCT GAG CCC CGG CCA TCC CTC AGC CAC TTG CTG AGC				413
Leu Ser Arg Thr Pro Glu Pro Arg Pro Ser Leu Ser His Leu Leu Ser				
75	80	85		
CAG TAC TAT GGG GCT GGG GTG GCC AGA GAC CCA GGG TTC CGC AGC AAC				461
Gln Tyr Tyr Gly Ala Gly Val Ala Arg Asp Pro Gly Phe Arg Ser Asn				
90	95	100		
TTC CGA CGG CAG AAC GGT GCT GCT CTG ACT TCA GCC TCC ATC CTG GCC				509
Phe Arg Arg Gln Asn Gly Ala Ala Leu Thr Ser Ala Ser Ile Leu Ala				
105	110	115	120	
CAG CAG GTG TGG GGA ACC CTT GTC CTT CTA CAG AGG CTG GAG CCA GTA				557
Gln Gln Val Trp Gly Thr Leu Val Leu Leu Gln Arg Leu Glu Pro Val				
125	130	135		
CAC CTC CAG CTT CAG TGC ATG AGC CAA GAA CAG CTG GCC CAG GTG GCT				605
His Leu Gln Leu Gln Cys Met Ser Gln Glu Gln Leu Ala Gln Val Ala				
140	145	150		
GCC AAT GCT ACC AAG GAA TTC ACT GAG GCC TTC CTG GGA TGC CCG GCC				653
Ala Asn Ala Thr Lys Glu Phe Thr Glu Ala Phe Leu Gly Cys Pro Ala				
155	160	165		
ATC CAC CCC CGC TGC CGC TGG GGA GCG GCG CCT TAT CGG GGC CGC CCG				701

170	175	180	
AAG CTG CTG CAG CTG CCG CTG GGA TTC TTG TAC GTG CAT CAC ACC TAC			749
Lys Leu Leu Gln Leu Pro Leu Gly Phe Leu Tyr Val His His Thr Tyr			
185	190	195	200
GTG CCT GCA CCA CCC TGC ACG GAC TTC ACG CGC TGC GCA GCC AAC ATG			797
Val Pro Ala Pro Pro Cys Thr Asp Phe Thr Arg Cys Ala Ala Asn Met			
205	210	215	
CGC TCC ATG CAG CGC TAC CAC CAG GAC ACG CAA GGC TGG GGA GAC ATC			845
Arg Ser Met Gln Arg Tyr His Gln Asp Thr Gln Gly Trp Gly Asp Ile			
220	225	230	
GGC TAC AGT TTC GTG GTG GGC TCG GAC GGC TAC GTG TAC GAG GGA CGC			893
Gly Tyr Ser Phe Val Val Gly Ser Asp Gly Tyr Val Tyr Glu Gly Arg			
235	240	245	
GGC TGG CAC TGG GTG GGC GCC CAC ACG CTC GGC CAC AAC TCC CGG GGC			941
Gly Trp His Trp Val Gly Ala His Thr Leu Gly His Asn Ser Arg Gly			
250	255	260	
TTC GGC GTG GCC ATA GTG GGC AAC TAC ACC GCG GCG CTG CCC ACC GAG			989
Phe Gly Val Ala Ile Val Gly Asn Tyr Thr Ala Ala Leu Pro Thr Glu			
265	270	275	280
GCC GCT CTG CGC ACG GTG CGC GAC ACG CTC CCG AGT TGT GCG GTG CGC			1037
Ala Ala Leu Arg Thr Val Arg Asp Thr Leu Pro Ser Cys Ala Val Arg			
285	290	295	
GCC GGC CTC CTG CGG CCA GAC TAC GCG CTG CTG GGC CAC CGC CAG CTG			1085
Ala Gly Leu Leu Arg Pro Asp Tyr Ala Leu Leu Gly His Arg Gln Leu			
300	305	310	
GTG CGC ACC GAC TGC CCC GGC GAC GCG CTC TTC GAC CTG CTG CGC ACC			1133
Val Arg Thr Asp Cys Pro Gly Asp Ala Leu Phe Asp Leu Leu Arg Thr			
315	320	325	
TGG CCG CAC TTC ACC GCG ACT GTT AAG CCA AGA CCT GCC AGG AGT GTC			1181



Trp Pro His Phe Thr Ala Thr Val Lys Pro Arg Pro Ala Arg Ser Val

330

335

340

TCT AAG AGA TCC AGG AGG GAG CCA CCC CCA AGG ACC CTG CCA GCC ACA 1229

Ser Lys Arg Ser Arg Arg Glu Pro Pro Pro Arg Thr Leu Pro Ala Thr

345

350

355

360

GAC CTC CAA TAAAGACAGC ATGGAAAC

1256

Asp Leu Gln

【0090】

配列番号：27

配列の長さ：884

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10513

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：135...884

特徴を決定した方法：E

配列

CATTCCTTT CTCCACATCC AGGTCAGGTG GCGTTTGCTG TGGCGGCTAG GCCCGCGTGC 60

GCTGGAGACC TCCGCGCTGG CCCCCGCGAG CCTCCTGCCC TGGCCCGGCG CTGCGGCTCT 120

GCCGCGGCGG CAGC ATG GGT GGC CCC CGG GGC GCG GGC TGG GTG GCG GCG 170

GGC CTG CTG CTC GGC GCG GGC GCC TGC TAC TGC ATT TAC AGG CTG ACC 218

Gly Leu Leu Leu Gly Ala Gly Ala Cys Tyr Cys Ile Tyr Arg Leu Thr	
15 20 25	
CGG GGT CGG CGG CGG GGC GAC CGC GAG CTC GGG ATA CGC TCT TCG AAG	266
Arg Gly Arg Arg Arg Gly Asp Arg Glu Leu Gly Ile Arg Ser Ser Lys	
30 35 40	
TCC GCA GAA GAC TTA ACT GAT GGT TCA TAT GAT GAT GTT CTA AAT GCT	314
Ser Ala Glu Asp Leu Thr Asp Gly Ser Tyr Asp Asp Val Leu Asn Ala	
45 50 55 60	
GAA CAA CTT CAG AAA CTC CTT TAC CTG CTG GAG TCA ACG GAG GAT CCT	362
Glu Gln Leu Gln Lys Leu Leu Tyr Leu Leu Glu Ser Thr Glu Asp Pro	
65 70 75	
GTA ATT ATT GAA AGA GCT TTG ATT ACT TTG GGT AAC AAT GCA GCC TTT	410
Val Ile Ile Glu Arg Ala Leu Ile Thr Leu Gly Asn Asn Ala Ala Phe	
80 85 90	
TCA GTT AAC CAA GCT ATT ATT CGT GAA TTG GGT GGT ATT CCA ATT GTT	458
Ser Val Asn Gln Ala Ile Ile Arg Glu Leu Gly Gly Ile Pro Ile Val	
95 100 105	
GCA AAC AAA ATC AAC CAT TCC AAC CAG AGT ATT AAA GAG AAA GCT TTA	506
Ala Asn Lys Ile Asn His Ser Asn Gln Ser Ile Lys Glu Lys Ala Leu	
110 115 120	
AAT GCA CTA AAT AAC CTG AGT GTG AAT GTT GAA AAT CAA ATC AAG ATA	554
Asn Ala Leu Asn Asn Leu Ser Val Asn Val Glu Asn Gln Ile Lys Ile	
125 130 135 140	
AAG GTG CAA GTT TTG AAA CTG CTT TTG AAT TTG TCT GAA AAT CCA GCC	602
Lys Val Gln Val Leu Lys Leu Leu Leu Asn Leu Ser Glu Asn Pro Ala	
145 150 155	
ATG ACA GAA GGA CTT CTC CGT GCC CAA GTG GAT TCA TCA TTC CTT TCC	650
Met Thr Glu Gly Leu Leu Arg Ala Gln Val Asp Ser Ser Phe Leu Ser	
160 165 170	

CTT TAT GAC AGC CAC GTA GCA AAG GAG ATT CTT CTT CGA GTA CTT ACG 698  
Leu Tyr Asp Ser His Val Ala Lys Glu Ile Leu Leu Arg Val Leu Thr

175 180 185

CTA TTT CAG AAT ATA AAG AAC TGC CTC AAA ATA GAA GGC CAT TTA GCT 746  
Leu Phe Gln Asn Ile Lys Asn Cys Leu Lys Ile Glu Gly His Leu Ala

190 195 200

GTG CAG CCT ACT TTC ACT GAA GGT TCA TTG TTT TTC CTG TTA CAT GGA 794  
Val Gln Pro Thr Phe Thr Glu Gly Ser Leu Phe Phe Leu Leu His Gly

205 210 215 220

GAA GAA TGT GCC CAG AAA ATA AGA GCT TTA GTT GAT CAC CAT GAT GCA 842  
Glu Glu Cys Ala Gln Lys Ile Arg Ala Leu Val Asp His His Asp Ala

225 230 235

GAG GTG AAG GAA AAG GTT GTA ACA ATA ATA CCC AAA ATC TGA 884  
Glu Val Lys Glu Lys Val Val Thr Ile Ile Pro Lys Ile

240 245

【0091】

配列番号：28

配列の長さ：589

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置 : 4 8 . . 3 4 4

特徴を決定した方法 : E

配列

GCTTTCCGAG CCCGCTTGCA CCTCGGCGAT CCCCGACTCC CTTCTTT ATG GCG TCG	56
Met Ala Ser	
1	
CTC CTG TGC TGT GGG CCG AAG CTG GCC GCC TGC GGC ATC GTC CTC AGC	104
Leu Leu Cys Cys Gly Pro Lys Leu Ala Ala Cys Gly Ile Val Leu Ser	
5 10 15	
GCC TGG GGA GTG ATC ATG TTG ATA ATG CTC GGA ATA TTT TTC AAT GTC	152
Ala Trp Gly Val Ile Met Leu Ile Met Leu Gly Ile Phe Phe Asn Val	
20 25 30 35	
CAT TCC GCT GTG TTG ATT GAG GAC GTT CCC TTC ACG GAG AAA GAT TTT	200
His Ser Ala Val Leu Ile Glu Asp Val Pro Phe Thr Glu Lys Asp Phe	
40 45 50	
GAG AAT GGC CCC CAG AAC ATA TAC AAC CTT TAC GAG CAA GTC AGC TAC	248
Glu Asn Gly Pro Gln Asn Ile Tyr Asn Leu Tyr Glu Gln Val Ser Tyr	
55 60 65	
AAC TGT TTC ATC GCT GCA GGC CTT TAC CTC CTC CTC GGA GGC TTC TCT	296
Asn Cys Phe Ile Ala Ala Gly Leu Tyr Leu Leu Leu Gly Gly Phe Ser	
70 75 80	
TTC TGC CAA GTT CGG CTC AAT AAG CGC AAG GAA TAC ATG GTG CGC	341
Phe Cys Gln Val Arg Leu Asn Lys Arg Lys Glu Tyr Met Val Arg	
85 90 95	
TAGGGCCCC GGCGCGTTTC CCCGCTCCAG CCCCTCCTCT ATTTAAAGAC TCCCTGCACC	400
GTGTCACCCA GGTCGCGTCC CACCCTTGCC GGCGCCCTCT GTGGGACTGG GTTTCCCGGG	460
CGAGAGACTG AATCCCTTCT CCCATCTCTG GCATCCGGCC CCCGTGGAGA GGGCTGAGGC	520
TGGGGGGCTG TTCCGTCTCT CCACCCTTCG CTGTGTCCCG TATCTCAATA AAGAGAATCT	580
GCTCTCTTC	589

【0092】

配列番号：29

配列の長さ：673

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10557

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：25..543

特徴を決定した方法：E

配列

CTTGCCCTTGC GCTGCGCGCT CACC ATG GTG GGC CCC GCG CCG CGG CGG CGG	51
Met Val Gly Pro Ala Pro Arg Arg Arg	
1 5	
CTG CGG CCG CTG GCA GCG CTG GCC CTG GTC CTG GCG CTG GCC CCG GGG	99
Leu Arg Pro Leu Ala Ala Leu Ala Leu Val Leu Ala Leu Ala Pro Gly	
10 15 20 25	
CTG CCC ACA GCC CGG GCC GGG CAG ACA CCG CGC CCT GCC GAG CGG GGG	147
Leu Pro Thr Ala Arg Ala Gly Gln Thr Pro Arg Pro Ala Glu Arg Gly	
30 35 40	
CCC CCA GTG CGG CTT TTC ACC GAG GAG GAG CTG GCC CGC TAT GGC GGG	195
GAG GAG GAA GAT CAG CCC ATC TAC TTG GCA GTG AAG GGA GTG GTG TTT	243

Glu Glu Glu Asp Gln Pro Ile Tyr Leu Ala Val Lys Gly Val Val Phe	
60 65 70	
GAT GTC ACC TCC GGA AAG GAG TTT TAT GGA CGA GGA GCC CCC TAC AAT	291
Asp Val Thr Ser Gly Lys Glu Phe Tyr Gly Arg Gly Ala Pro Tyr Asn	
75 80 85	
GCC TTG ACG GGG AAG GAC TCC ACT AGA GGG GTA GCC AAG ATG TCC TTG	339
Ala Leu Thr Gly Lys Asp Ser Thr Arg Gly Val Ala Lys Met Ser Leu	
90 95 100 105	
GAT CCT GCA GAC CTC ACC CAT GAC ACT ACG GGT CTC ACG GCC AAG GAA	387
Asp Pro Ala Asp Leu Thr His Asp Thr Thr Gly Leu Thr Ala Lys Glu	
110 115 120	
CTG GAG GCC CTG GAT GAG GTC TTC ACC AAA GTG TAC AAA GCC AAA TAC	435
Leu Glu Ala Leu Asp Glu Val Phe Thr Lys Val Tyr Lys Ala Lys Tyr	
125 130 135	
CCC ATC GTC GGC TAC ACT GCC CGG AGA ATT CTC AAT GAG GAT GGC AGC	483
Pro Ile Val Gly Tyr Thr Ala Arg Arg Ile Leu Asn Glu Asp Gly Ser	
140 145 150	
CCT AAC CTG GAC TTC AAG CCT GAA GAC CAG CCC CAT TTT GAC ATC AAG	531
Pro Asn Leu Asp Phe Lys Pro Glu Asp Gln Pro His Phe Asp Ile Lys	
155 160 165	
GAT GAG TTC TGATGTTCCC CCTGCAGGAG CAGGTTCTTG GGAGCGTGAG	580
Asp Glu Phe	
170	
GCAGGAAGAC ACTAGGTGCT GAATCTCCTG CAAAACCTGGC TGCCTGGAGG CCCTGAGCCA	640
CCCAGATCTG AATAAAACAG ATGCTTACCC TGG	673

【0093】

配列番号：30

配列の長さ：1425

配列の型：核酸

鎖の数： 二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：Saos-2

クローン名：HP10563

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：127..489

特徴を決定した方法：E

配列

TCCCGCCTGG GGCCGGCTGA GTGGCACTTA AGCGGGCCAT GCCATGCAAC CTTGGGCGCT	60
GCCAACCGTG GGCGAGCTCT GGGTGTGCGG GCGGCCTGGC GCGGCGCTCC GCTGTGTCAG	120
CGTGTT ATG ATG CCG TCC CGT ACC AAC CTG GCT ACT GGA ATC CCC AGT	168
Met Met Pro Ser Arg Thr Asn Leu Ala Thr Gly Ile Pro Ser	
1 5 10	
AGT AAA GTG AAA TAT TCA AGG CTC TCC AGC ACA GAC GAT GGC TAC ATT	216
Ser Lys Val Lys Tyr Ser Arg Leu Ser Ser Thr Asp Asp Gly Tyr Ile	
15 20 25 30	
GAC CTT CAG TTT AAG AAA ACC CCT CCT AAG ATC CCT TAT AAG GCC ATC	264
Asp Leu Gln Phe Lys Lys Thr Pro Pro Lys Ile Pro Tyr Lys Ala Ile	
35 40 45	
GCA CTT GCC ACT GTG CTG TTT TTG ATT GGC GCC TTT CTC ATT ATT ATA	312
Ala Leu Ala Thr Val Leu Phe Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ile Ile Ile	

.....

Gly Ser Leu Leu Leu Ser Gly Tyr Ile Ser Lys Gly Gly Ala Asp Arg

65	70	75	
GCC GTT CCA GTG CTG ATC ATT GGC ATT CTG GTG TTC CTA CCC GGA TTT			408
Ala Val Pro Val Leu Ile Ile Gly Ile Leu Val Phe Leu Pro Gly Phe			
80	85	90	
TAC CAC CTG CGC ATC GCT TAC TAT GCA TCC AAA GGC TAC CGT GGT TAC			456
Tyr His Leu Arg Ile Ala Tyr Tyr Ala Ser Lys Gly Tyr Arg Gly Tyr			
95	100	105	110
TCC TAT GAT GAC ATT CCA GAC TTT GAT GAC TAGCACCCAC CCA			500
Ser Tyr Asp Asp Ile Pro Asp Phe Asp Asp			
115	120		
TAGCTGAGGA GGAGTCACAG TGGAAGTCTC CCAGCTTTAA GATATCTAGC AGAAACTATA			560
GCTGAGGACT AAGGAATTCT GCAGCTTGCA GATGTTTAAAG AAAATAATGG CCAGATTTTT			620
TGGGTCCTTC CCAAAGATGT TAAGTGAACC TACAGTTAGC TAATTAGGAC AAGCTCTATT			680
TTTCATCCCT GGGCCCTGAC AAGTTTTTCC ACAGGAATAT GTATCATGGA AGAATAGAGG			740
TTATTCTGTA ATGGAAAAGT GTTGCCCTGCC ACCACCCTCT GTAGAGCTGA GCATTTCTTT			800
TAAATAGTCT TCATTGCCAA TTTGTTCTTG TAGCAAATGG AACAATGTGG TATGGCTAAT			860
TTCTTATTAT TAAGTAGTTT ATTTTAAAAA TATCTGAGTA TATTATCCTG TACACTTATC			920
CCTACCTTCA TGTTCCAGTG GAAGACCTTA GTAAAATCAA AGATCAGTGA GTTCATCTGT			980
AATATTTTTT TTAATTGCTT TCTTACTGAC AGCAACCAGG AATTTTTTTA TCCTGCAGAG			1040
CAAGTTTTCA AAATGTAAAT ACTTCCTCTG TTTAACAGTC CTGGGACCAT TCTGATCCAG			1100
TTCACCAGTA GGTTGGACAG CATATAATTT GCATCATTTT GTCCCTTGTA AATCAAGATG			1160
TTCTGCAGAT TATTCCTTTA ACGGCCGGAC TTTTGGCTGT TTCCTAATGA AACATGTAGT			1220
GGTTATTATT TAGAGTTTAT AGCCGTATTG CTAGCACCTT GTAGTATGTC ATCATTCTGC			1280
TCATGATTCC AAGGATCAGC CTGGATGCCT AGAGGACTAG ATCACCTTAG TTTGATTCTA			1340
TTTTTTAGCT TGCAAAAAGT GACTTATATT CCAAAGAAAT TAAAATGTTG AAATCCAAAT			1400
CCTAGAAATA AAATGAGTTA ACTTC			1425

【0094】

【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP01426がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフ



ィールを示す図である。

【図2】 クローンHP02515がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図3】 クローンHP02575がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図4】 クローンHP10357がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図5】 クローンHP10447がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図6】 クローンHP10477がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図7】 クローンHP10513がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図8】 クローンHP10540がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

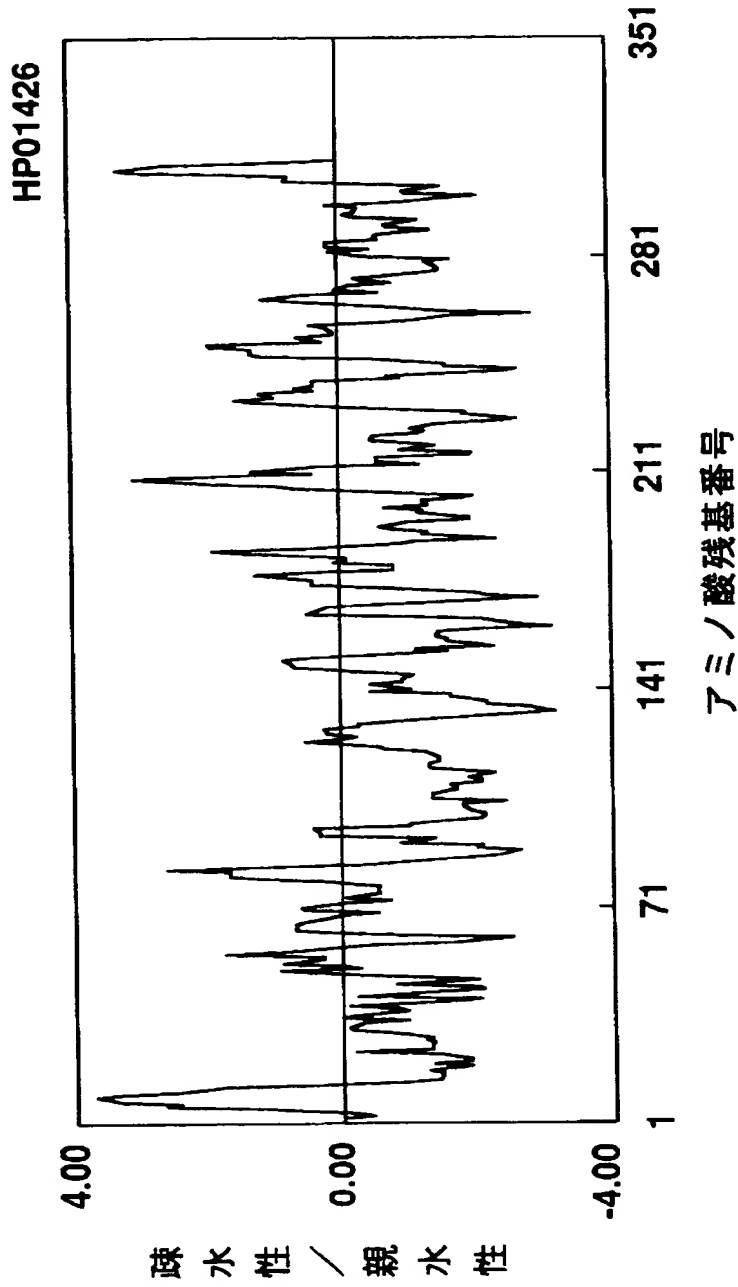
【図9】 クローンHP10557がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図10】 クローンHP10563がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

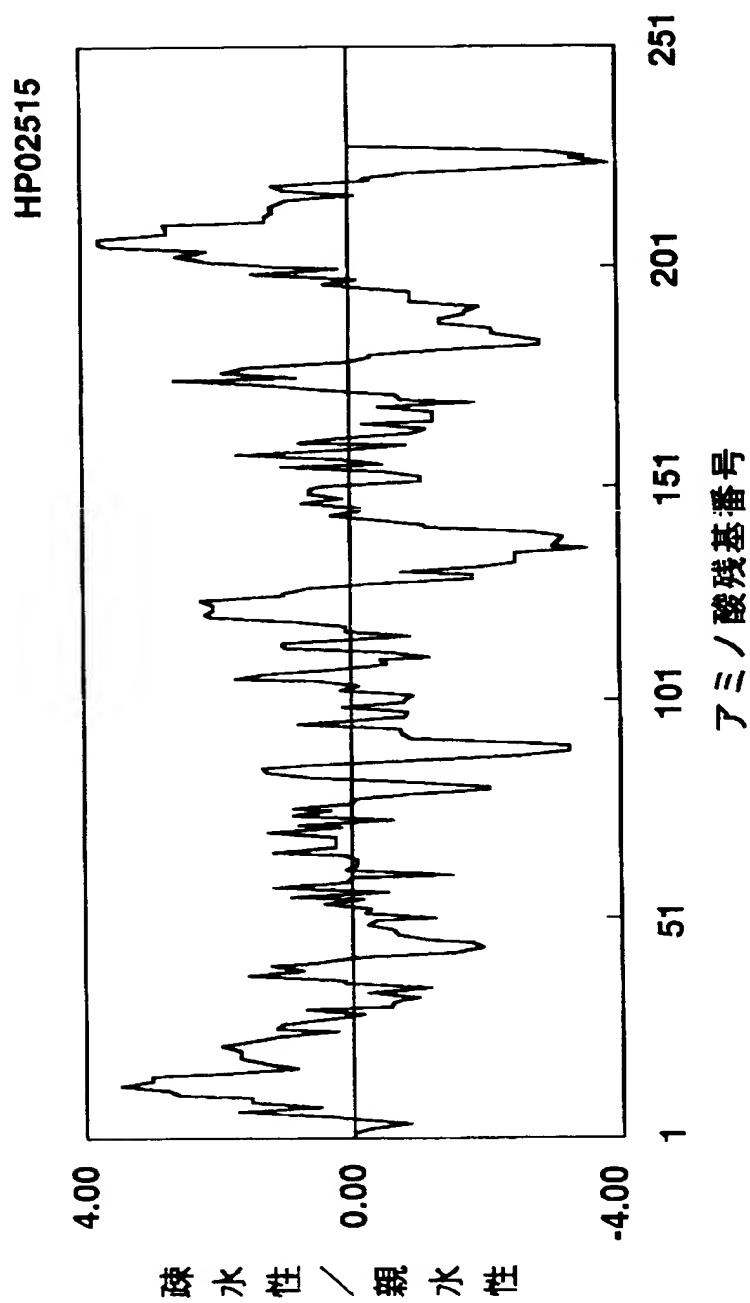
【書類名】

図面

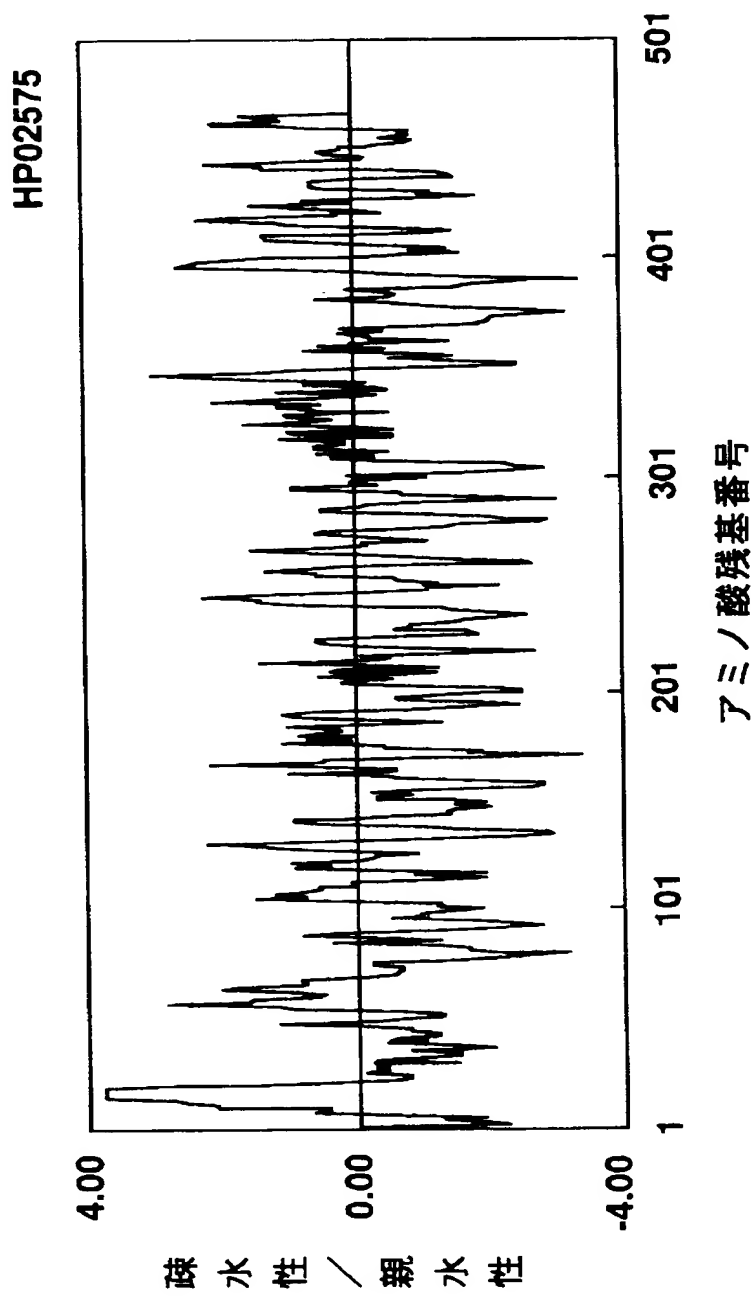
【図 1】



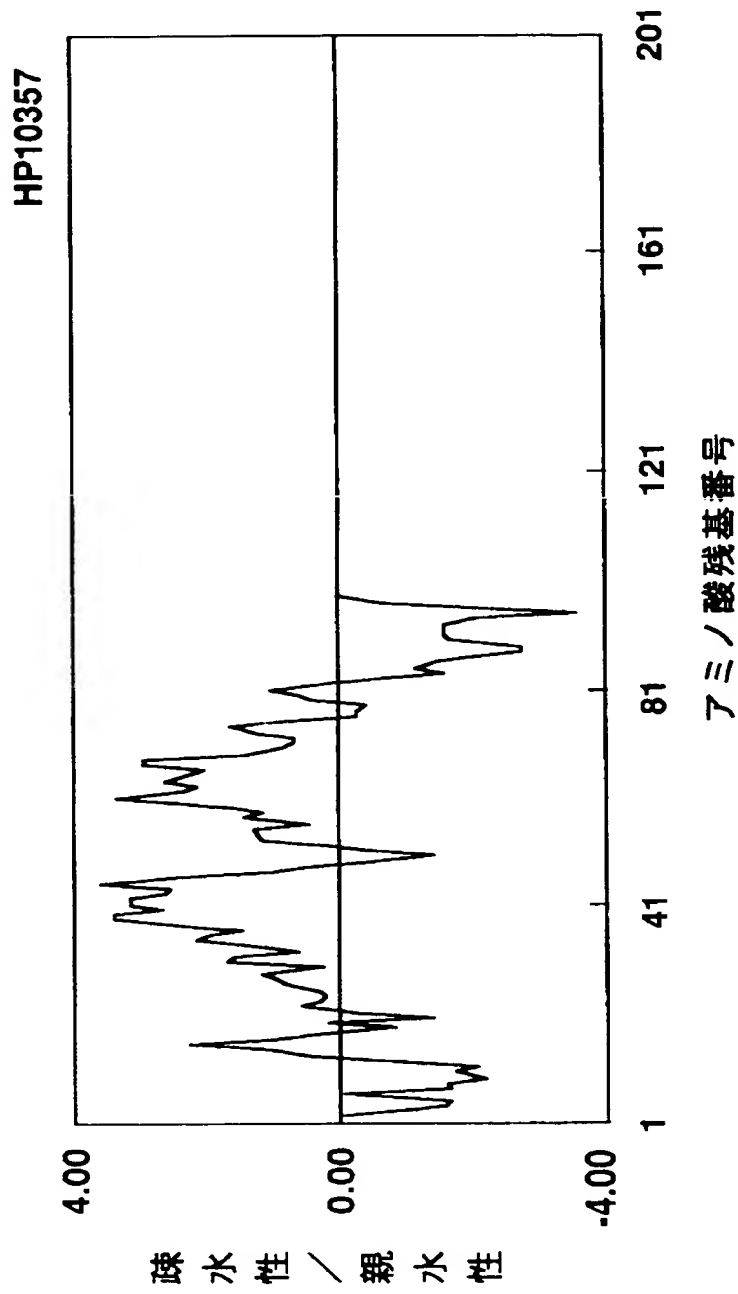
【図 2】



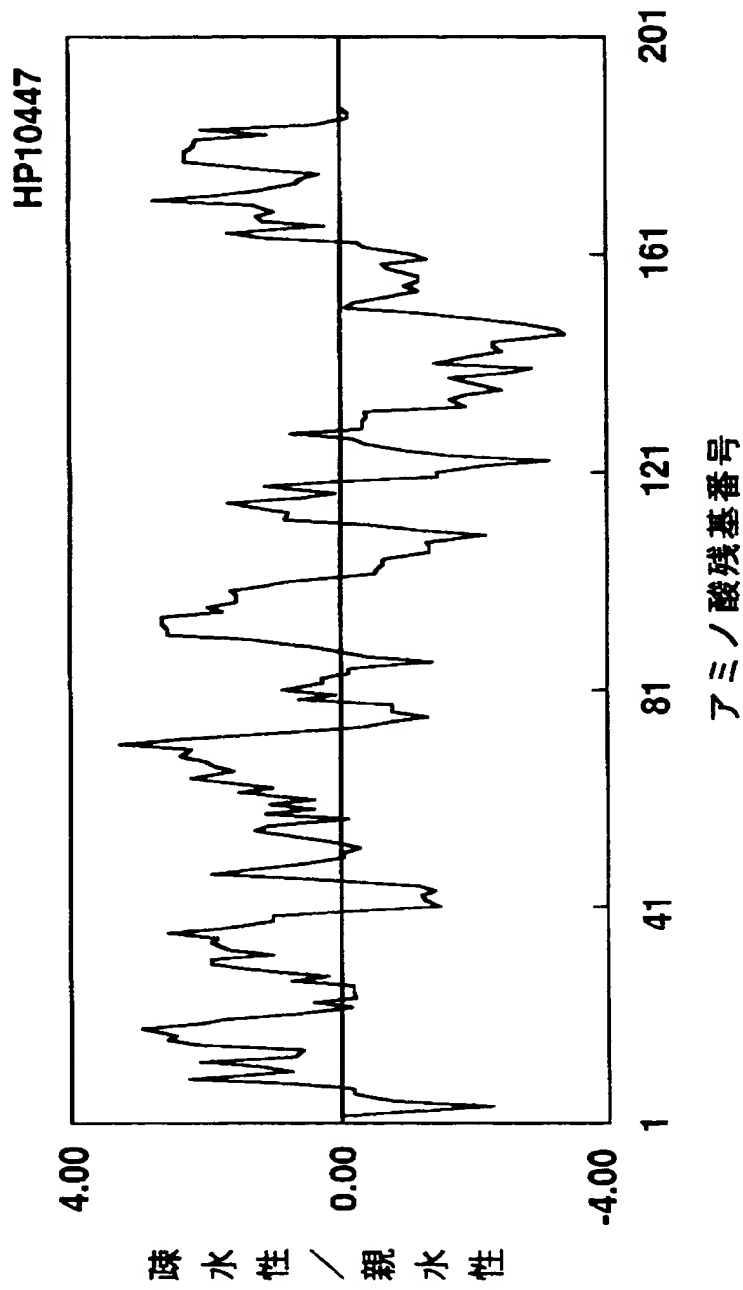
【図 3】



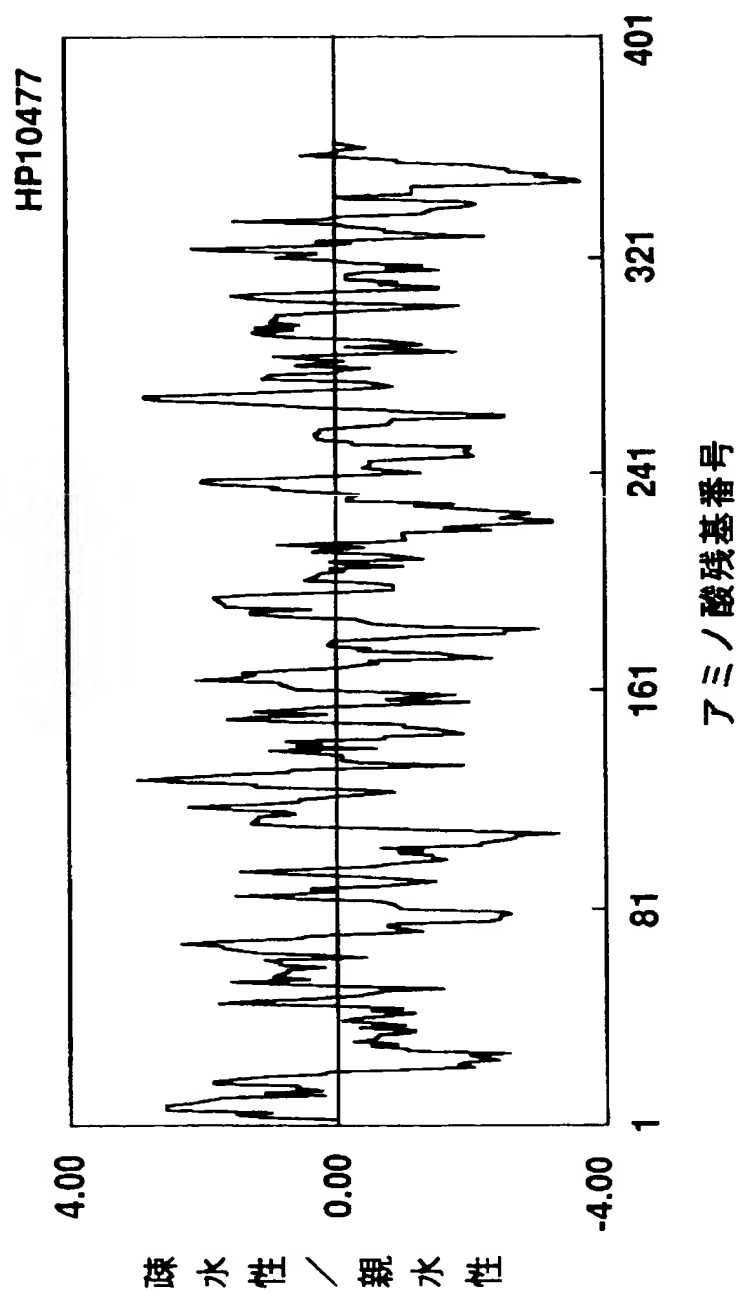
【図4】



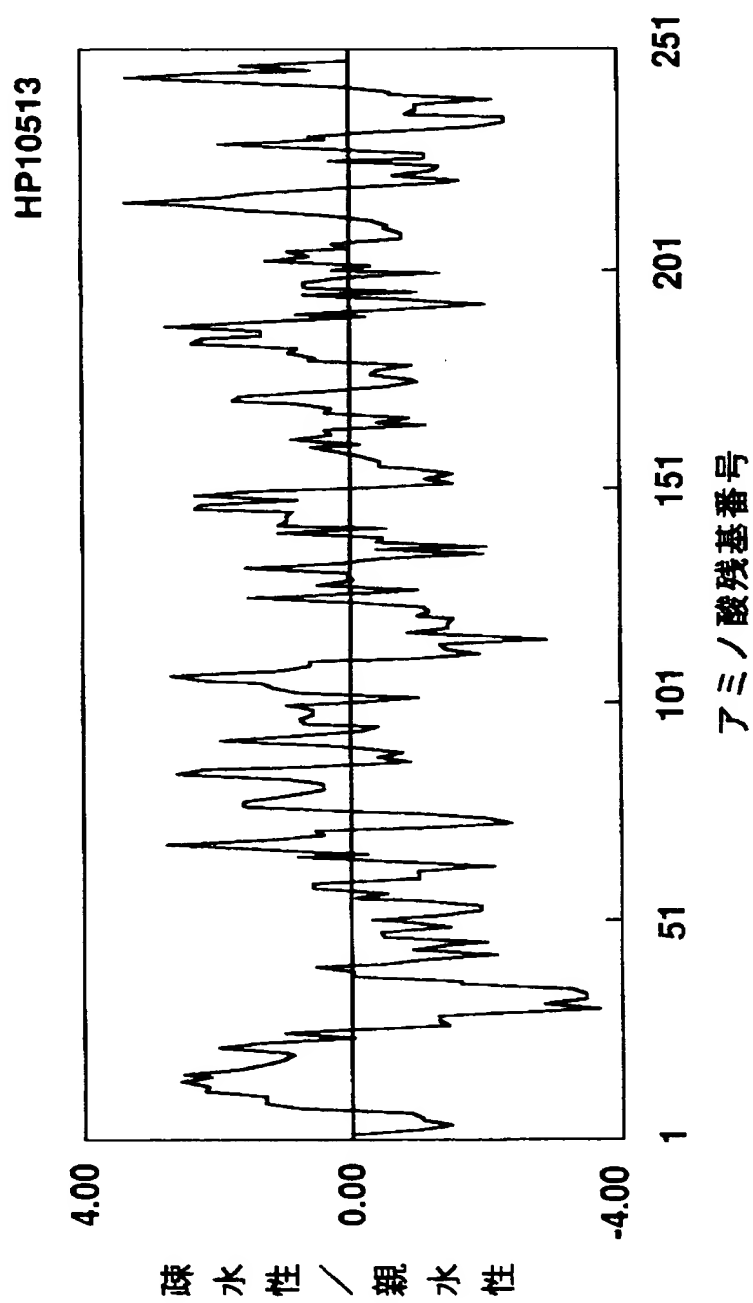
【図5】



【図6】

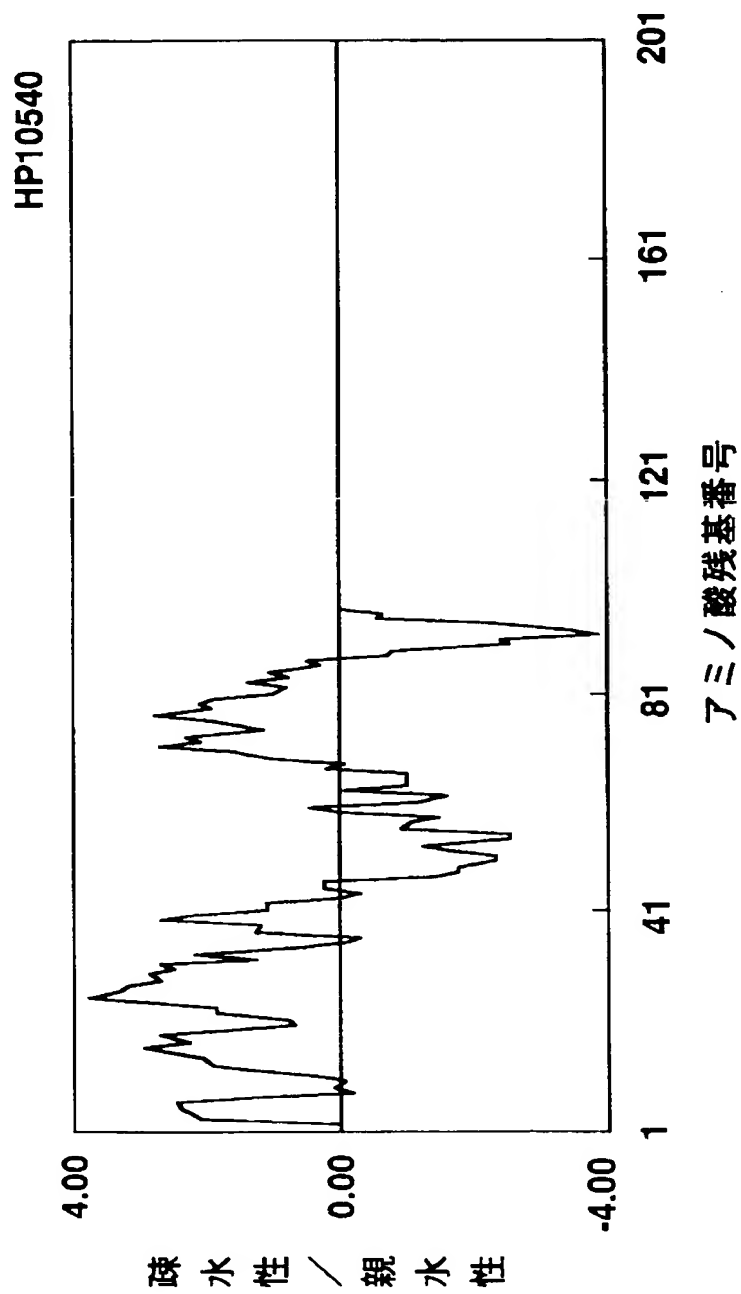


【図 7】

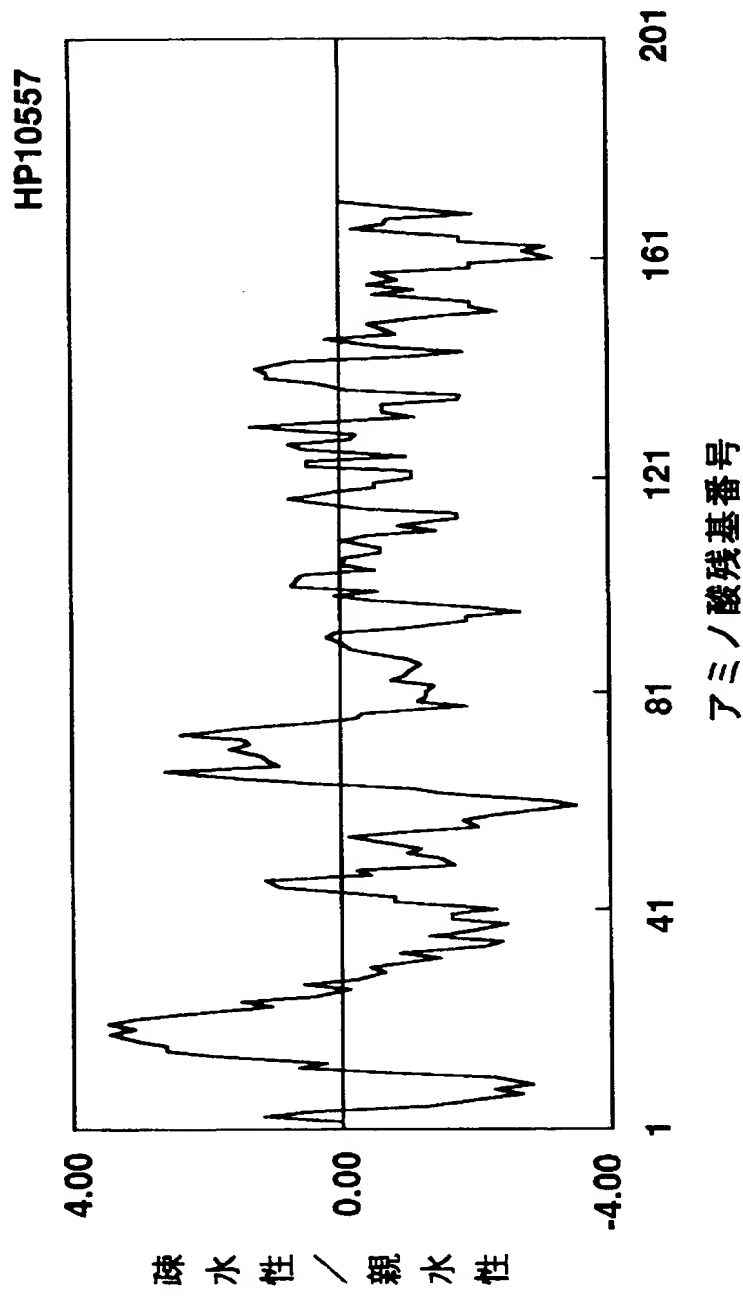




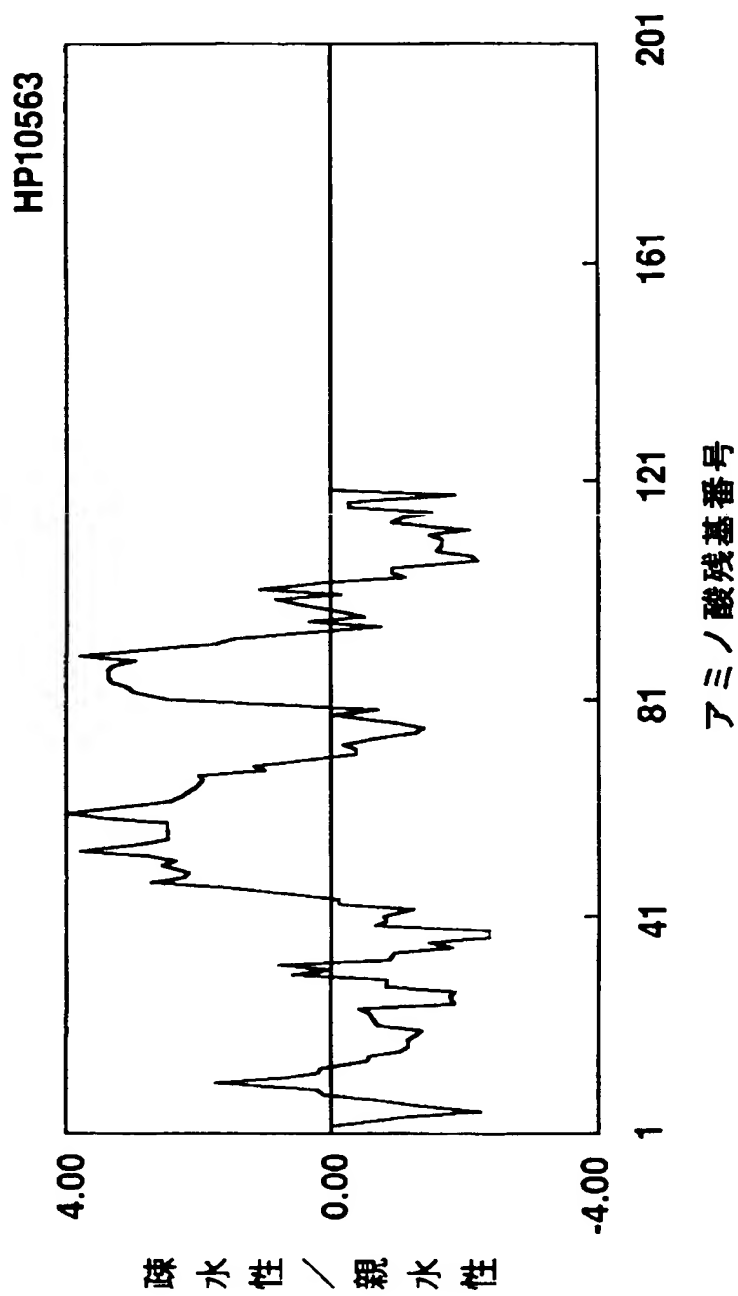
【図 8】



【図 9】



【図 10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列を含む cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA の組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

【書類名】	職権訂正データ
【訂正書類】	特許願

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町2丁目20番3号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン

【書類名】 手続補正書

【提出日】 平成10年 9月 4日

【あて先】 特許庁長官殿

【事件の表示】

    【出願番号】 平成10年特許願第224105号

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質ならびにそれをコードするDNA

【補正をする者】

    【事件との関係】 代表出願人

    【識別番号】 000173762

    【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

    【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

    【代表者】 近藤 聖

【手続補正 1】

    【補正対象書類名】 特許願

    【補正対象項目名】 提出物件の目録

    【補正方法】 追加

    【補正の内容】

        【提出物件の目録】

        【物件名】 代表者選定証 1

19816900015



整理番号 S O 1 8 1 6 2

代表者選定証

平成10年8月7日

住所 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

名称 財団法人 相模中央化学研究所

代表者 近藤 聖殿

住所 東京都目黒区中町2丁目20番3号

名称 株式会社プロテジーン

代表者 棚井 文雄



下記の発明に関する手続きについては、貴殿を代表者に選定したことに相違ありません。

1. 事件の表示

平成10年8月7日付提出の特許願

整理番号 S O 1 8 1 6 2

2. 発明の名称

疎水性ドメインを有するヒト蛋白質ならびにそれをコードするDNA



【書類名】 職権訂正データ  
【訂正書類】 手続補正書

<認定情報・付加情報>

【補正をする者】 申請人  
【識別番号】 000173762  
【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼 4 丁目 4 番 1 号  
【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所  
【提出された物件の記事】  
【提出物件名】 代表者選定証 1



出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000173762]

1. 変更年月日	1995年 4月14日
[変更理由]	住所変更
住 所	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
氏 名	財団法人相模中央化学研究所

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日	1996年 9月13日
[変更理由]	新規登録
住 所	東京都目黒区中町2丁目20番3号
氏 名	株式会社プロテジーン